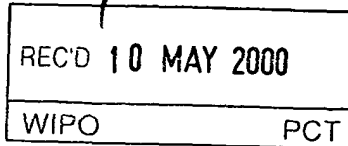


EP00/02005



4  
EPO-231

25.04.2000

**Bescheinigung**



Die SCHERING Aktiengesellschaft in Berlin/Deutschland hat eine Patentanmeldung unter der Bezeichnung

"Menschliche Nukleinsäure- und Protein-Sequenzen aus Endothelzellen"

am 1. Oktober 1999 beim Deutschen Patent- und Markenamt eingereicht.

Das angeheftete Stück ist eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlage dieser Patentanmeldung.

Die Anmeldung hat im Deutschen Patent- und Markenamt vorläufig die Symbole C 07 K und C 12 N der Internationalen Patentklassifikation erhalten.

München, den 30. März 2000

**Deutsches Patent- und Markenamt**

**Der Präsident**

Im Auftrag



Aktenzeichen: 199 48 679.4

**PRIORITY  
DOCUMENT**

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN  
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

(06  
10J  
L11

## Menschliche Nukleinsäure-und Preotein-Sequenzen aus Endothelzellen

Die Erfindung betrifft Nukleinsäure-Sequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Gewebe menschlicher Endothelzellen, die für Genprodukte oder  
5 Teile davon kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

---

Angiogenese ist ein Prozeß, der im adulten Lebewesen bei den zyklischen Prozessen der Reproduktion in der Frau, bei der Wundheilung und in verschiedenen  
10 pathologischen Situationen zu beobachten ist, wie z. B. Tumorwachstum, rheumatische Erkrankungen, Endometriose, bei der Kollateralenbildung im Herzen und in der Peripherie, etc.

Persistente Angiogenese kann die Ursache für verschiedene Erkrankungen wie  
15 Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie, Neovaskuläres Glaukom, Nierenerkrankungen, wie Glomerulonephritis, diabetische Nephropatie, maligne Nephrosklerose, thrombotische mikroangiopathische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie  
20 Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen und Arteriosklerose sein oder zu einer Verschlimmerung dieser Erkrankungen führen.

Gelänge es, Angiogenese zu induzieren oder zu hemmen, so würden sich mehrere Erkrankungen grundlegend therapieren lassen. Hierzu müßte man die Gene bzw.  
25 die für die Angiogenese relevanten Nukleinsäure-Sequenzen kennen. Bisher ist nicht bekannt, welche Gene bzw. Nukleinsäure-Sequenzen oder Teile davon angiogeneserelevant sind.

Es konnten nun Nukleinsäure-Sequenzen gefunden werden, die  
30 angiogeneserelevant sind.

Diese Sequenzen sind entweder bisher nicht beschrieben worden oder sie sind nur als Nukleinsäure-Sequenzen aus Nagern bekannt, jedoch ohne Hinweis auf Angiogenese. Weitere Sequenzen sind als humane Gene oder Teile davon

beschrieben, jedoch nicht in bezug auf mögliche angiogeneserelevante Eigenschaften.

Zur Suche nach angiogeneserelevanten Genen wurden Endothelzellen aus Vorhäuten adulter Personen gewonnen, die auf zweierlei Arten kultiviert wurden:

a) auf einer Rattenschwanzkollagenmatrix in subkonfluenter Dichte

und

b) auf einem Gel aus extrazellulärer Matrix (Matrigel).

Unter Kulturform a) bilden die Zellen die klassischen kopfsteinpflasterartigen Monolayer.

Unter Kulturform b) bilden die Zellen netzartige Strukturen mit röhrenförmigen Gebilden.

Die Zellkulturform a) stellt einen frühen Angiogenesezustand mit vornehmlich proliferativem Phänotyp dar.

Die Zellkulturform b) stellt ein Modell für eine spätere Phase der Angiogenese dar, bei der die Differenzierung der Endothelzellen zu einer Bildung von schlauchförmigen Strukturen führt. Diese Strukturen sind eine Voraussetzung für einen Blutfluß, der von der Gewebsfläche separiert ist.

Aus beiden Zellkulturformen wird mRNA isoliert, in cDNA transkribiert, und mit einer Restriktionsendonuklease in Fragmente der Größe von 200 bis 1500 bp geschnitten. Mittels einer subtraktiven PCR-Technik wurden die differentiell vorkommenden Fragmente beider Zustände amplifiziert. Sie wurden in Vektoren eingebaut und kloniert. Die Klone wurden zunächst sequenziert und anschließend wurden ihre Sequenzen mit bioinformatischen Techniken komplettiert.

Mit Hilfe einer quantitativen, in der Literatur beschriebenen PCR-Technik (Pilarsky et al., 1998, s. Versuchsbeschreibung) wurde zunächst untersucht, ob die Gene in den beiden Kulturzuständen differentiell exprimiert sind. Zur Normierung wurde die Expression des 23 kDalton Proteins (s. Versuchsbeschreibung) als interner Marker verwendet. In der differentiellen Expression traten Verhältnisse von 2-7 fach auf.

---

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 gefunden werden, die als Kandidatengene bei der Angiogenese eine Rolle spielen.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1 bis Seq. ID No. 59

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin Nukleinsäure-Sequenzen gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1 bis Seq. ID No. 59 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, die in Endothelzellgewebe erhöht exprimiert sind

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 hybridisieren.

5

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine

Länge von mindestens 50 bis 3000 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 2800 bp, besonders bevorzugt eine Länge von 150 bis 2600 bp auf.

- 10 Mit den erfindungsgemäßen Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor,
- 15 kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

20

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),

2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene),

25 pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt,

30 lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

5 Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

---

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

10

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

15

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Sequenzen enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

20

Die die Nukleinsäure-Sequenzen enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie *E. coli* oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

25

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

30

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, die von den erfinderischen Teilsequenzen exprimiert werden.

5

~~Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige~~  
Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den Polypeptiden aufweisen.

10

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

15

Die von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen kodierten Polypeptide können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen bei angiogenen Erkrankungen verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

20

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen verwendet werden können.

25

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 exprimierten Polypeptide als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung angiogener Erkrankungen, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung angiogener Erkrankungen.

30

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren bzw. die über diese Nukleinsäuren exprimierten Proteine können somit entweder alleine oder in Formulierung als Arzneimittel zur Behandlung von Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie,

Neovaskulares Glaukom, Nierenerkrankungen, wie Glomerulonephritis, diabetische Nephropatie, maligne Nephrosklerose, thrombische mikroangiopatische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen, Arteriosklerose und Verletzungen des Nervengewebes zum Einsatz kommen.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptidsequenz enthalten, die von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 exprimiert werden.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden.

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 59, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.



## Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

5

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

---

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

## Beispiel 1

---

### 1. Suche nach angiogeneserelevanten Kandidatengen

#### 10 1.1 Verwendete Zellen

Primäre, humane, mikrovaskuläre Endothelzellen (MVEC) wurden aus menschlichen Vorhäuten präpariert und mittels biotinyliertem anti CD31 (PECAM) Antikörper selektioniert (Referenz).

15 Kulturbedingungen: 37°C, 5%CO<sub>2</sub>

Medium: M199, 10% FCS, 10% Humanserum, 6µg/ml ECGF, 1mM  
Natriumpyruvat, 3 U/ml Heparin, 100 U/ml Penicilin, 100µg/ml  
Streptomycin, 1x nicht essentielle Aminosäuren

20

#### 1.2 Kultivierung und RNA-Präparation

Für die Kulturform a) werden die Zellen auf mit Collagen I beschichtetem Plastik kultiviert. Für die Kulturform b) werden die Zellen auf einem Gel aus extrazellulären  
25 Matrixproteinen ausgebracht. Das dazu verwendete Matrigel (Becton Dickinson) wurde 1 zu 1 mit M199 Medium verdünnt, in der Kälte in das verwendete Kulturgefäß gegossen (60µl/cm<sup>2</sup>) und bei 37°C für 30 min. geliert. Anschließend wurden die Zellen ausgebracht.

Für Kulturform a) und b) wurden MVEC in einer Dichte von 2x10<sup>4</sup>/cm<sup>2</sup> ausgebracht  
30 und für 7h bei 37°C, 5% CO<sub>2</sub> inkubiert.

Die Gesamt-RNA-Präparation wurde nach der Guanidinium Thiocyanat Methode mit anschließender Zentrifugation durch ein Caesiumchlorid-Kissen durchgeführt

(Sambrook J., Fritsch E. F., and Maniatis T.; 1989, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbour Laboratory Press).

Die polyA<sup>+</sup> RNA-Selektion wurde über oligo(dT)-Zellulosesäulen (mRNA Purification Kit, Pharmacia Biotech) durchgeführt.

5

### 1.3 Erstellen von subtraktiven cDNA-Banken

Die Subtraktion wurde nach der Methode von Diatchenko et al. (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 1996 Jun 11, 93:6025-30) mit Hilfe des PCR-Select cDNA Subtraction Kit durchgeführt.

Die polyA<sup>+</sup> RNA, die die Zielsequenzen enthält, wird als Tester, die davon abzuziehende polyA<sup>+</sup> RNA als Driver bezeichnet.

Es wurden 2 Subtraktionen durchgeführt, wobei einmal die polyA<sup>+</sup> RNA der Kulturform a) und einmal die polyA<sup>+</sup> RNA der Kulturform b) als Tester diente. Die folgende Versuchsbeschreibung stellt exemplarisch nur eine Subtraktion dar.

### 1.4 Synthese von doppelsträngiger cDNA (ds cDNA)

Sowohl für den Tester als auch für den Driver wird eine doppelsträngige cDNA-Synthese durchgeführt.

#### 1. Strang-Synthese

Die Strangsynthese wird mit folgendem Ansatz durchgeführt:

polyA <sup>+</sup> RNA	2µg
cDNA-Synthese Primer(10µM)	1µl
Wasser	add 5µl

Die Reaktionen werden für 2 min. bei 70°C und anschließend 2 min auf Eis inkubiert.

Zu jeder Reaktion wurde folgendes zugegeben:

	5x First-strand buffer ( 250mM Tris-HCL, pH8, 330mM Mg-Chlorid, 375mM KCl)	2µl
	10mM dNTP	1µl
5	Wasser	1µl
	MMLV reverse transcriptase (200 U/µl)	1µl

---

Die Reaktionen wurden für 90 Minuten bei 42°C und anschließend für 2 Minuten auf Eis inkubiert.

10

## 2. Strang-Synthese

Die 2. Strang-Synthese wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

	1. Strang-Synthese	10µl
15	Wasser	48,4µl
	5x Second-strand buffer(500mM KCL, 50mM Ammoniumsulfat, 25mM Mg-Chlorid, 0,75mM $\beta$ -NAD, 100mM Tris-HCL, pH7,5, 0,25mg/ml BSA)	16µl
	10mM dNTP	1,6µl
20	20x Second-strand enzyme cocktail (DNA Polymerase 1 6U/µl, Rnase H 0,2U/µl, <i>E. coli</i> DNA Ligase 1,2U/µl)	4µl

Die Reaktionen wurden für 2h bei 16°C inkubiert.

Zu jeder Reaktion wurde T4 DNA Polymerase wie folgt zugegeben:

25

	T4 DNA Polymerase 3U/µl	2µl
--	-------------------------	-----

Die Reaktionen wurden für 30 min bei 16°C inkubiert.

Die Reaktionen wurden mit EDTA abgestoppt, wobei die Lösung folgende

30

Zusammensetzung aufweist:

	20x EDTA/Glykogen Mix (200mM EDTA, 1mg/ml Glykogen)	4µl
--	---	-----

Es wurde für jede Reaktion eine Phenol/Chloroform-Extraktion und eine Ethanol-Präzipitation durchgeführt. Die Pellets wurden in je 50µl Wasser resuspendiert.

## 5 1.5 Rsa I-Verdau der ds cDNA

Sowohl für den Tester als auch für den Driver wurde ein Rsa I-Verdau durchgeführt. Hierzu wurden folgende Lösungen verwendet:

10	ds cDNA	43,5µl
	10x Rsa I Restriktionspuffer (100mM Bis Tris Propan-HCl, pH7,0, 100mM Mg-Clorid, 1mM DTT)	5µl
	Rsa I (10U/µl)	1,5µl

- 15 Die Reaktionen wurden für 90 min bei 37°C inkubiert.  
Die Reaktionen wurden anschließend mit EDTA abgestoppt, wobei die Lösung folgende Zusammensetzung aufweist:

20	20x EDTA/Glykogen Mix (200mM EDTA	1mg/ml Glykogen)	2,5µl
----	-----------------------------------	------------------	-------

Anschließend wurde für jede Reaktion eine Phenol/Chloroform-Extraktion und eine Ethanol-Präzipitation durchgeführt. Die hierbei entstehenden Pellets wurden in je 5,5µl Wasser für die weitere Verarbeitung resuspendiert.

25

## 1.6 Adaptor-Ligation an Rsa I verdaute ds Tester cDNA

Die Tester-cDNA wurde in 2 Fraktionen aufgeteilt. An jede Tester-Fraktion wurde ein Adapter ligiert. Die Konzentrationen der verwendeten Substanzen für die beiden

30 Tester sind im einzelnen in der nachfolgenden Tabelle aufgeführt.

	<u>Tester-1</u>	<u>Tester-2</u>
Tester-cDNA	0,1µl	0,1µl
5x Ligationspuffer (250mM Tris-HCl, pH7,8 50mM MgCl <sub>2</sub>	2µl	2µl
10mM DTT 0,25mg/ml BSA)		
T4 DNA Ligase (400U/µl)	1µl	1µl
Adaptor 1 (10µM)	2µl	--
Adaptor 2 (10µM)	--	2µl
H <sub>2</sub> O	4,9µl	4,9µl
Gesamtvolumen	10µl	10µl

Die Reaktionen wurden über Nacht bei 16°C inkubiert und anschließend mit EDTA abgestoppt (20x EDTA/Glykogen Mix, 1µl (200mM EDTA, 1mg/ml Glykogen)).

- 5 Die Reaktionen wurden für 5 min bei 72°C inkubiert.

## 1.7 Subtraktive Hybridisierungen

- 10 Die Driver und Tester wurden anschließend miteinander in zwei Schritten hybridisiert.

### Hybridisierung

15

Die erste Hybridisierung wurde für die beiden Reaktionen mit den in der folgenden Tabelle aufgeführten Lösungen und Verbindungen durchgeführt.

	Reaktion 1	Reaktion 2
Rsa I verdaute Driver cDNA	1,5µl	1,5µl
Adaptor 1 ligierter Tester 1	1,5µl	–
Adaptor 2 ligierter Tester 2	–	1,5µl
4x Hybridisierungspuffer	1µl	1µl
Gesamtvolumen	4µl	4µl

Die Reaktionen wurden für 90 sek bei 98°C und anschließend direkt für 8h bei 68°C inkubiert.

#### 1. Hybridisierung:

Für die 2. Hybridisierung wurden Reaktion 1 und 2 gemischt und frisch denaturierter Driver wie folgt zugegeben:

10

Driver	1µl
4x Hybridisierungspuffer	1µl
Wasser	2µl

1µl dieser Mischung wurde für 90 sek bei 98°C inkubiert und anschließend möglichst schnell mit Reaktion 1 und Reaktion 2 fusioniert.

20

Die 2. Hybridisierung wurde bei 68°C über Nacht inkubiert. Anschließend wurden zur 2. Hybridisierung 200µl Verdünnungspuffer (20mM HEPES-HCl (pH8,3), 50mM NaCl, 0,2mM EDTA (pH8,0)) zugegeben. Danach wurde die 2. Hybridisierung für 7 min bei 68°C inkubiert. Der so hergestellte Ansatz wurde dann für die PCR eingesetzt.

Differentiell exprimierte Fragmente in den subtrahierten cDNA Pools wurden über zwei aufeinanderfolgende PCRs selektiv amplifiziert.

Die 1. PCR wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

25

	10x PCR-Puffer (400mM Tricine-KOH, pH9,2, 150mM KOAc, 35mM MG(OAc) <sub>2</sub> , 37,5µg/ml BSA)	2,5µl
	10mM dNTP	0,5µl
	PCR Primer 1 (10µM)	1µl
5	50x Advantage cDNA Polymerase	0,5µl
	verdünnte 2. Hybridisierung	1µl
<hr/>		
	Wasser	19,5µl

Das PCR-Programm wurde wie folgt durchgeführt:

75°C, 5 min
Schleife
94°C, 30 sek
66°C, 30 sek
72°C, 90 sek

Insgesamt wurden 27 Zyklen durchgeführt.

Die zweite PCR wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

	10x PCR-Puffer	2,5µl
	10mM dNTP	0,5µl
20	nested PCR-Primer 1 (10µM)	1µl
	nested PCR Primer 2R (10µM)	1µl
	50x Advantage cDNA Polymerase	0,5µl
	PCR Produkt	0,1µl
	H <sub>2</sub> O	19,4µl

Das PCR-Programm wurde wie folgt durchgeführt:

94°C, 30 sek
68°C, 30 sek
72°C, 90 sek

Insgesamt wurden 12 Zyklen durchgeführt.



Die Subtraktionseffizienz wurde durch eine semi-quantitative PCR für ein bekanntes nicht reguliertes Gen ( SH3P18) überprüft. Es zeigte sich eine Reduktion in dem subtrahierten cDNA Pool um einen Faktor von 150- 200.

5

---

## 2. Ligation der subtrahierten cDNA Pools in pUC 18

Die vorwärts und rückwärts subtrahierten cDNA Pools wurden in pUC 18 Sma I/BAP ligiert (SureClone Ligation Kit, Pharmacia Biotech) und anschließend in chemisch kompetente E. coli DH5 $\alpha$  kloniert.

10

Die Fragmente der subtrahierten cDNA Pools wurden dazu zu Blunt-Enden aufgefüllt und phosphoryliert. Folgende Zusammensetzungen wurden hierfür verwendet:

15

Subtrahierter cDNA Pool	1,5 $\mu$ g
Klenow Fragment	1 $\mu$ l
10x Blunting/Kinasing Buffer	2 $\mu$ l
Polynucleotide Kinase	1 $\mu$ l
Wasser	add 20 $\mu$ l

20

Die Reaktionen wurden für 30 min bei 37°C inkubiert, anschließend über PCR Purification Columns aufgereinigt und in 30 $\mu$ l Wasser eluiert. Anschließend wurde die DNA-Konzentration wurde mittels OD-Messung bestimmt.

25

### 2.1 Ligation in pUC 18

Die Ligation in pUC 18 wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

30

Blunt-ended cDNA Pool	50ng
pUC 18 Sma I/BAP (50ng/ $\mu$ l)	1 $\mu$ l

2x Ligationspuffer	10µl
DTT	1µl
T4 DNA Ligase (6U/µl)	3µl
Wasser	add 20µl

5

Die Reaktionen wurden über Nacht bei Raumtemperatur inkubiert.

---

## 2.2 Transformation der Ligationen in E. coli DH5α

10

Die Ligationen wurden in chemisch kompetente E. coli DH5α transformiert.

Die transformierten Zellen wurden auf 2YT Agarose-Platten mit 100µg/ml Ampicilin, 625µM IPTG und 0,005% X-Gal ausgestrichen und über Nacht bei 37°C angezogen.

15

Auf 17 zufällig ausgewählten, weißen Klonen wurde eine Kolonie-PCR mit Vektor-Primern (M13 Standardprimer) durchgeführt. 15-16 Klone zeigten dabei Inserts mit einer Größenverteilung, die der des verwendeten cDNA Pools entsprach.

Für jede Subtraktion wurden 1536 Klone in 384-well Platten mit 50µl 2YT, 1xHMFM, 100µg/ml Ampicilin pro well transferiert. Die gefüllten 384-well Platten wurden über Nacht bei 37°C inkubiert und konnten dann bei -80°C gelagert werden.

20

## 3. Herstellung von Kolonie-Filtern:

25

Die 1536 Klone einer subtraktiven cDNA Bank wurden auf eine Hybond Nylon N+ Membran (Amersham) angeimpft. Die Membran wurde auf eine 2YT Agarose-Platte mit 100µg/ml Ampicilin gelegt und über Nacht bei 37°C inkubiert. Die Membran wurde mit der Kolonie-Seite nach oben für 4 min auf in Denaturierungslösung (0,5M NaOH, 1,5M NaCl) getränktes Whatman 3MM Papier gelegt. Anschließend wurde die Membran für 4 min auf in Neutralisierungslösung ( 1M Tris-HCl (pH7,5), 1,5M NaCl) getränktes Whatman 3MM Papier inkubiert. Die Membran wurde dann für 1h bei 37°C mit Proteinase K behandelt. Die Membran wurde dazu in 300ml Proteinase K Puffer (50mM NaCl, 5mM EDTA, 10mM Tris-HCl (pH8), 50mg/ml Proteinase K)

30

getaucht. Schließlich wurde die Membran bei 80°C für 3h getrocknet und wurde dann für die Hybridisierungen verwendet.

#### 5 4. Differentielle Hybridisierung:

---

Um die differentielle Expression der klonierten Fragmente nachzuweisen wurde mit Hilfe eines PCR-Select Differential Screening Kits eine differentielle Hybridisierung auf Kolonie-Filtern der subtraktiven cDNA-Banken durchgeführt.

10

Für eine spezifische Hybridisierung der vorwärts und rückwärts subtrahierten cDNA Pools auf die subtraktiven cDNA-Bank Kolonie-Filter war es notwendig die Adapter-Sequenzen in der Hybridisierungsprobe zu entfernen.

15 Als Hybridisierungsproben für die Rsa I-Restriktion der subtrahierten cDNA Pools wurden eingesetzt:

cDNA Pool		28µl
10x Rsa I Restriktionspuffer	(100mM Bis Tris Propan-HCl, pH7,0	
100mM Mg-Chlorid, 1mM DTT)		3µl
20 Rsa I (10U/µl)		2µl

Die Reaktionen wurden bei 37°C für 5h inkubiert und anschließend über PCR-Reinigungssäulen aufgereinigt und in 30µl Wasser eluiert. Die DNA-Konzentration wurde mittels OD-Messung bestimmt.

25

#### 5. Radioaktive Markierung der subtrahierten cDNA Pools

Die radioaktive Markierung der subtrahierten cDNA Pools wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

30

cDNA Pool	150ng in	9µl
-----------	----------	-----

	Reaktionspuffer, - dCTP (333mM Tris-HCl, pH8, 33,3 Mg-Chlorid, 10mM 2-Mercaptoethanol, 170µM dATP, 170µM dGTP, 170µM dTTP)	3µl
5	Random Primer Mix (0,9mg/ml random nonamers, 50mM Tris-HCl, pH7,5, 10mM Mg-Chlorid, 1mM DTT, 50µg/ml BSA)	2µl
	AP32 dCTP	3µl
	Klenow Fragment (3U/µl)	1,5µl

Die Reaktionen wurden bei 37°C für 1h inkubiert, anschließend über PCR-  
 10 Reinigungssäulen aufgereinigt und in 30µl Wasser eluiert. Es wurde die spezifische  
 Aktivität der Reaktionen bestimmt um sicherzugehen, daß in beiden  
 Hybridisierungsreaktionen die gleiche Menge an markierter DNA eingesetzt wurde.

## 15 6. Prähybridisierung und Hybridisierung der Filter und Hybridisierungs- proben

Für die Hybridisierungen wurde folgende Lösungen verwendet:

20	20x SSC	50µl
	Blocking Lösung (10mg/ml sheared salmon sperm DNA, 0,3mg/ml komplementäre Oligos zu Adaptoren)	50µl

Die Lösung wurde für 5min bei 98°C inkubiert, dann für 5min auf Eis gestellt und mit  
 25 5 ml Express-Hybridisations-Lösung gemischt. Diese Lösung wurde dann in der  
 Hybridisierungsflasche mit dem Filter bei 72°C für 1h prähybridisiert.

Die Hybridisierungsproben wurden ebenfalls mit folgender Lösung versetzt:

	20x SSC	50µl
30	Blocking Lösung (10mg/ml sheared salmon sperm DNA, 0,3mg/ml komplementäre Oligos zu Adaptoren)	50µl

Der Ansatz wurde dann für 5min bei 98°C und für 2 min auf Eis inkubiert. Anschließend wurden die Hybridisierungsproben zu dem Filter in die Hybridisierungsflaschen gegeben und über Nacht bei 72°C hybridisiert.

5     Anschließend wurde wie folgt verfahren:

---

a)     4x 20min bei 68°C mit vorgewärmtem 2xSSC, 0,5% SDS

b)     2x 20 min bei 68°C mit vorgewärmtem 0,2xSSC, 0,5% SDS

10

c)     anschließend Exposition in Phosphor-Imager-Kassetten für 22h bei Raumtemperatur

15     **7.     Auswertung der differentiellen Hybridisierungen**

Die Auswertung der Hybridisierungen erfolgte an einem Phosphor-Imager.

Ein Klon wurde dann als differentiell exprimiert eingestuft, wenn er ausschließlich  
20     ein detektierbares Hybridisierungssignal mit dem vorwärts subtrahierten cDNA Pool  
zeigte oder wenn die Signalstärke mit dem vorwärts subtrahierten cDNA Pool um  
mindestens den Faktor 5 größer war als mit dem rückwärts subtrahierten cDNA  
Pool.

25

**8.     Bestätigung der differentiellen Expression mittels semi-quantitativer RT-PCR**

Um die differentielle Expression der Klone mit differentiellem  
30     Hybridisierungsergebnis zu bestätigen, wurden Sequenzen zufällig ausgewählt und  
entsprechende Primer hergestellt.

Als Methode zum Nachweis der differentiellen Expression wurde die comparative multiplex RT-PCR nach Pilarsky et al. (The Prostate 36:85-91 (1998)) angewendet. Als interner Standard wurden Primer für das 23kD highly basic Protein verwendet. Die interessierende Sequenz und das Standardfragment wurden simultan in einer  
 5 Reaktion für eine unterschiedliche Anzahl an Zyklen amplifiziert. Die PCR-Produkte wurden anschließend auf einem 6% Sequenzier-Gel aufgetrennt und mittels einer Software analysiert und quantifiziert. Zuerst wurde die Anzahl an Zyklen ermittelt für die sowohl das Standardfragment, als auch die interessierende Sequenz linear amplifizierten und die dann für die quantifizierende PCR verwendet wurde. Zur  
 10 quantifizierenden RT-PCR wurden unterschiedliche RNA-Präparationen herangezogen und jeweils 3 Reaktionen angesetzt. Es konnte für 90% der untersuchten Sequenzen mit differentiellem Hybridisierungsergebnis ein Unterschied in der Expression festgestellt werden, der größer war als ein Faktor 2.

15

## 9. Automatische Verlängerung der gefundenen Nukleinsäure-Sequenzen

Um möglichst viel Sequenzinformation für jeden differentiell exprimierten Klon zu  
 20 erhalten, wurde eine automatische Verlängerung der Ausgangssequenz anhand aller verfügbaren EST-Sequenzen durchgeführt.

Die automatische Verlängerung der Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

- 25 1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge aller verfügbaren EST's aus der LifeSeq-Datenbank (Stand Oktober 1997) mit Hilfe des BLAST Algorithmus (Altschul S., Gish W., Miller W., Myers E., Lipman D. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410).
- 30 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield J., Smith K., Staden R. (1995), *Nucleic Acids Research* 23, 4992-4999).

### 3. Berechnung einer Konsensus-Sequenz aus den assemblierten Sequenzen.

Nun wird versucht die Konsensus-Sequenz in gleicher Weise zu verlängern. Diese

5 Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenz fortgesetzt, bis keine  
~~weitere Verlängerung mehr möglich ist.~~

---

## 10. Gefundene Nukleinsäure-Sequenzen

10

Analog der unter 1 bis 9 beschriebenen Verfahrensweise wurden z. B. folgende Sequenzen gefunden, von denen einige mehrfach in Kulturform a) oder Kulturform b) der Endothelzellen überexprimiert werden.

15 Diese Nukleinsäure-Sequenzen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die mögliche Funktion dieser Genbereiche betrifft die Angiogenese.

20 Das Ergebnis ist in der folgenden Tabelle I dargestellt:

TABELLE I

Seq ID No	Expression	Funktion	Homologie
1	überexprimiert in a)	Assoziiert mit Proliferation	Keine
2	überexprimiert in a)	Assoziiert mit Proliferation	Keine
3	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine
4	3-fach überexprimiert in b)	gap junction, assoziiert mit Differenzierung	connexin37; 96% Identität über 933 bp.
5	überexprimiert in a)	Assoziiert mit Proliferation	Keine
6	2-fach überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine
7	überexprimiert in a)	Assoziiert mit Proliferation	Keine
8	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine
9	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine
10	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	SPRY2; 99% Identität über 1489 bp.
11	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
12	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	mouse Gas5; 78% Identität über 121 bp.
13	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
14	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
15	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
16	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
17	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
18	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
19	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
20	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
21	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine



Seq ID-No	Expression	Funktion	Homologie
22	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
23	5-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	mouse MMP; 83% Identität über 831 bp.
24	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
25	4-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
26	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
27	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
28	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	KIAA0255; 57% Identität über 326 bp.
29	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	thymic epithelial cell antigen; 68% Identität über 326 bp.
30	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
31	4-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
32	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
33	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
34	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
35	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
36	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
37	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	CL-20; 87% Identität über 122 bp.
38	5-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	mouse Numb; 90% Identität über 310 bp.
39	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
40	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
41	5-fach überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
42	6-fach überexprimiert in a)	Coreprozessor, assoziiert mit Proliferation	SMRT; 99% Identität über 785 bp.
43	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
44	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
45	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
46	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine

Seq ID-No	Expression	Funktion	Homologie
47	5-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
48	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	MUC18; 99% Identität über 780 bp.
49	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
50	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
51	3-fach überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
52	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
53	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
54	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
55	7-fach überexprimiert in a)	assoziiert mit EC Proliferation und Migration	CYR61; 100% Identität über 2015 bp.
56	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
57	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
58	3-fach überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
59	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine

a), b) = Kulturformen

5

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 der ermittelten Kandidatengene werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

10

15

## Sequenzprotokoll

### 5 (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

---

#### (i) ANMELDER:

(A) NAME: Schering Aktiengesellschaft

(B) STRASSE: Müllerstraße 178

10 (C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

(F) POST CODE (ZIP): D-13303

(G) TELEFON: (030)-4681 2085

(H) TELEFAX: (030)-4681 2058

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus  
humanen Endothelzellen

20

(iii) Anzahl der Sequenzen: 59

#### (iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

25 (B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

### 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1835 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

	ttttacagtt	ttccttttct	tcagagttta	ttttgaattt	tcattttttgg	ataaccaagc	60
	agctctttta	gaagaatgca	cagaagagtc	attctggcac	ttttggatag	tacataagat	120
25	tttctttttt	tttttttaaat	ttttttttaat	agtcacattc	agctcgcttg	ctcaaaccag	180
	actcccacat	tgggtgagca	agatgagccc	ataggattcc	agagttaata	cgtaaccgta	240
	tatacaaaca	gccaaaaaac	cataatggtg	ccacagggat	ggagcaggga	agggcatctc	300
	taacgtgtcc	tctagtctat	cttcgctaaa	cagaaccac	gttacacatg	ataactagag	360
	agcacactgt	gttgaaacga	ggatgctgac	cccaaattgg	acttggcagc	atgcagttta	420
30	aagcaaaaaga	gacatccttt	aataactgta	taaaatccag	gcagttccat	taaagggggt	480
	aagaaaacca	acaacaacaa	aaagcgaggg	actgtctgtt	gtcactgtca	aaaaggcact	540
	tggagttaat	gggaccagga	ttggaggact	cttagctgat	acagatttca	gtacgatttc	600
	attaaaaggc	ttggatgtta	agagaggaca	ctcagcgggt	cctgaaggga	gacgctgaga	660
	tggaccgctg	agaagcggaa	cagatgaaca	caaaggaatc	aaatctttac	aaccaaaattg	720
35	catttaagcg	acaacaaaaa	aaggcaaacc	ccaaaacgca	acctaaccaa	agcaaaaatct	780
	aagcaaaatc	agacaacgaa	gcagcgatgc	atagctttcc	tttgagagaa	cgcatacctt	840
	gagacgctac	gtgccaacct	aagttctcaa	cgacagcttc	acagtaggat	tatttgtgata	900
	aaaatgactc	aagcgatgca	aaaagtttca	tctgttccca	gaatccgagg	gagaactgag	960
	gtgatcggtt	gagcatagcg	acatcacgtg	cggtttctta	atgtccctgg	tggcggatac	1020
40	gccgagtcct	cggaaggaca	tctggacacc	acttttcagc	acctccttgc	aggggcgaca	1080

```

tccgccaaag tcatccttta ttccgagtaa taactttaat tcctttctaa catttacacg 1140
gcaaacagga atgcagtaaa cgtccacgtc cgtcccacgg ctgggctgcc gtcccgtttc 1200
ctccacgaac gggtagcgc ttccatgaga aaggatattt ggcaatttta tattccacag 1260
tcaggtgggt ctgcgatagc tcatttaatg ttaaagcca tcaggggcct ctccctcccg 1320
5  ttctgccagg ggcttttctt gtcttctcct tggcgagctc gtgggcagat cttctctggt 1380
gggggctggc tgctggctcc gagggggcat ccgcagtcg tctggctcgc tcctcctgca 1440
ggctgggcag ctggccacca cttctccgac tcgacccctc caacaagcat cgcagggcac 1500
tgtcctcggg ggtacagacc gtggtccac attcgctacc actctgttcc acgtcatcca 1560
ggtacacgag ctgctgtag gccgtgctgt ctggggctcg aggctcttcc tgctggtgct 1620
10 cttggacggg cgggtagttc tgctgcagag acaaagcatc tccccctccc ttccgggctg 1680
attttggttc attcatatct acgccagagt ccaaactggc atcattactt ccgttccttc 1740
cagctctttg gagaatcaat gtatgaatgt ctaacctgac cgttggaacct gccatccaag 1800
gagacgaacc acgcccgggg gtgcggaagc ggcct

```

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 581 Basenpaare

20

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

25

hergestellte partielle cDNAs

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

35

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

```
5  gttctagatt gttttattca gtaattagct ctttaagaccc ctgggggcctg tgctacccag 60
   acactaaca cagtctctat ccagttgctg gttctgggtg acgtgatctc cccatcatga 120
   tcaacttact tcctgtggcc cattagggaa gtggtgacct cgggagctat ttgcctgttg 180
   agtgcacaca cctggaaaca tactgctctc attttttcat ccacatcagt gagaaatgag 240
   tggcccgtaa gcaagatata actatgcaat catgcaacaa agctgcctaa taacatttca 300
10 tttattacag gactaaaagt tcattattgt ttgtaaagga tgaattcata acctctgcag 360
   agttatagtt catacacagt tgatttccat ttataaaggc agaaagtcct tgttttctct 420
   aaatgtcaag ctttgactga aaactcccgt ttttccagtc actggagtgt gtgcgtatga 480
   aagaaaatct ttagcaatta gatgggagag aagggaata gtacttgaaa tgtaggccct 540
   cacctcccca tgacatcctc catgagcctc ctgatgtagt g
```

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 516 Basenpaare

20 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

25 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

5   tagagatggtt ggttgatgac ccccgggatc tggagcagat gaatgaagag tctctggaag 60
    tcagcccaga catgtgcatc tacatcacag aggacatgct catgtcgcgg aacctgaatg 120
    gacactctgg gttgattgtg aaagaaattg ggtcttccac ctcgagctct tcagaaacag 180
    ttgttaagct tcgtggccag agtactgatt ctcttccaca gactatatgt cggaaaccaa 240
    agacctccac tgatcgacac agcttgagcc tcgatgacat cagactttac cagaaagact 300
10  tcttgcgcac tgcaggctctg tgtcaggaca ctgctcagag ttacaccttt ggatgtggcc 360
    atgaactgga tgaggaaggc ctctattgca acagttgctt ggcccagcag tgcataca 420
    tccaagatgc ttttccagtc aaaagaacca gcaaataact ttctctggat ctcactcatg 480
    atgaagttcc agagtttgtt gtgtaaagtc cgtctg

```

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1099 Basenpaare

20

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

25

hergestellte partielle cDNAs

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

35

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

5

10

15

20

25

```

cccacaacac agggggccctg aaacacgccg gcctctctctc tgtgggtcagc ttgggccagt 60
cctgctcact ggatcacagc ccattgtagg tggggcatgg tggggatcag ggcccctggc 120
ccacggggag gtagaagaag acctggtccg tgtaagggtc tgagaagggt ccctgggtcg 180
ggggtgctgc ttggcccttg cgtgccctca tccccgggt gaggcagcga cacagcaggt 240
gcaccaactc cagcagggtta agcaccaggg agatgagtcc aaccaccaac atgaagatga 300
tgaagatggt cttctccgtg gggcgagaga caaagcagtc cacgaggtag gggcagggtg 360
ctcgtctggc cacaacacg ggctccatgg tccagccgta caggcgccac tggccataga 420
ggaagcctgc ctctagcaca ctcttgacga gcacactggc gacatagggt cccatcagtg 480
ctccgcggat gcgcaggcga ccatcttctg ccaccgagat cttggccatc tgacgctcta 540
cggccgccag cgcccgtctc acctgtgggt ccttggccgg cagtggccgc agctccccct 600
ccttctgccc cagccgtctc tctcgccgag acaggtaaag gacatggccc aggttagacca 660
gggtgggtgt gctgacgaag aggaactgca gcacccagta gcggatgtgg gagatgggga 720
aggcctggtc atagcagacg ttggtgcagc ctggctgggg cgtgttacac tcgaaatctg 780
actgctcgtc accccacact gactcgccgg ccaggcccag gatgaggatg cggaagatga 840
agagcaccgt cagccagatc ttaccacca cggtcgagtg ctcttgacc tggccagca 900
acttctccac gaagcccag tcacccatgg ctcccgggcc tccgtcggca aggagacaga 960
gcacgtcagt gtgtcagcat ggcaccttc tcgttcgccc agcaacaagc ctgcagggtg 1020
gtctgccacg ccgcttctac cgcctgcctg ccgggcggcc cagggtggag tggggacgat 1080
ggccggagtg acgcccgcg

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1015 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN



## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

## 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

10

```

gaggataggg agcctggggg caggagtgtg ggagacacag cgagactctg tctccaaaaa 60
aaaaagtgct ttttgaaaat gttgaggttg aaatgatggg aaccaacatt ctttggattt 120
agtggggagc ataatagcaa acacccctt gggtcgcaca tgtacaggaa tgggacccag 180
15 ttggggcaca gccatggact tccccgccct ggaatgtgtg gtgcaaagtg gggccagggc 240
ccagacccaa gaggagaggg tggtcgcag acaccccggt atgtcagcat ccccgacct 300
gccttctggc ggcacctccc ggggtgctgt ttgagtcagc aggcattggg tgagagcctg 360
gtatatgctg ggaacagggt gcaggggcca agcgttcctc cttcagcctt gacttggggc 420
atgcaccccc tctcccccaa acacaaacaa gcacttctcc agtatggtgc caggacaggt 480
20 gtcccttcag tctcttggtt atgacctcaa gtcctacttg ggccctgcag cccagcctgt 540
gttghtaacct ctgcgtcctc aagaccacac ctggaagatt cttcttccct ttgaaggaga 600
atcatcattg ttgctttatc acttctaaga cattttgtac ggcacggaca agttaaacag 660
aatgtgcttc cctccctggg gtctcacacg ctcccacgag aatgccacag gggccgtgca 720
ctgggcaggc ttctctgtag aaccccaggg gcttcggccc agaccacagc gtcttgccct 780
25 gagcctagag caggagatcc cgaacttctg cattcacaga ccacctccac aattgttata 840
accaaaggcc tctgtttctg ttatttctact taaatcaaca tgctattttg ttttctactca 900
cttctgactt tagcctcgtg ctgagccgtg tatccatgca gtcattgttca cgtgctagt 960
acgttttttct tcttacacat gaaaataaat gcataagtgt tagaagaaaa aaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2313 Basenpaare

35 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

40 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

15

20  
25  
30  
35  
40  
45

ccagagcagg	cctggtggtg	agcagggacg	gtgcaccgga	cggcgggata	gagcaaattg	60
gtctggccat	ggagcacgga	gggtcctacg	ctcgggcggg	gggcagctct	cggggctgct	120
ggtattacct	gcgctacttc	ttcctcttcg	tctccctcat	ccaattcctc	atcatcctgg	180
ggctcgtgct	cttcatggtc	tatggcaacg	tgcacgtgag	cacagagtc	aacctgcagg	240
ccaccgagcg	ccgagccgag	ggcctataca	gtcagctcct	agggctcacg	gcctcccagt	300
ccaacttgac	caaggagctc	aacttcacca	cccgcgccaa	ggatgccatc	atgcagatgt	360
ggctgaatgc	tcgccgcgac	ctggaccgca	tcaatgccag	cttccgccag	tgccagggtg	420
accgggtcat	ctacacgaac	aatcagaggt	acatggctgc	catcatcttg	agtgagaagc	480
aatgcagaga	tcaattcaag	gacatgaaca	agagctgcga	tgctttgctc	ttcatgctga	540
atcagaaggt	gaagacgctg	gaggtggaga	tagccaagga	gaagaccatt	tgactaagg	600
ataaggaaag	cgtgctgctg	aacaaacgcg	tggcggagga	acagctgggt	gaatgctgta	660
aaaccgcgga	gctgcagcac	caagagcgcc	actggccaag	gagcaactgc	aaaagggtgca	720
agccctctgc	ctgcccctgg	acaaggacaa	gtttgagatg	gaccttcgta	acctgtggag	780
ggactccatt	atcccacgca	gcctggacaa	cctgggttac	aacctctacc	atcccctggg	840
ctcggaattg	gcctccatcc	gcagagcctg	cgaccacatg	cccagcctca	tgagctccaa	900
ggtggaggag	ctggcccggg	gcctccgggc	ggatatcgaa	cgctgtggcc	gcgagaactc	960
agacctccaa	cgccagaagc	tggaagccca	gcagggcctg	cgggccagtc	aggaggcgaa	1020
acagaagggtg	gagaaggagg	ctcaggcccg	ggaggccaag	ctccaagctg	aatgctcccg	1080
gcagacccag	ctagcgtctg	aggagaaggc	ggtgctgcgg	aaggaacgag	acaacctggc	1140
caaggagctg	gaagagaaga	agagggaggc	ggagcagctc	aggatggagc	tgcccatcag	1200
aaatcagcc	ctggacacct	gcatcaagac	caagtgcgag	ccgatgatgc	cagtgtcaag	1260
gccccatggg	cctgtcccca	acccccagcc	catcgacca	gctagcctgg	aggagttcaa	1320
gaggaagatc	ctggagtccc	agaggccccc	tgcaggcatc	cctgtagccc	catccagtgg	1380
ctgaggaggc	tccaggcctg	aggaccaagg	gatggcccga	ctcggcggtt	tgccgaggat	1440
gcagggatat	gctcacagcg	cccgaacaaa	ccccctccc	cgcggcccaa	ccaccaggg	1500
ccaccatcag	acaactccct	gcatgcaaac	ccctagtacc	ctctcacacc	cgcaccgcg	1560
cctcacgatc	cctcaccag	agcacacggc	cgcggagatg	acgtcacgca	agcaacggcg	1620
ctgacgtcac	atatcaccgt	ggtgatggcg	tcacgtggcc	atgtagacgt	cacgaagaga	1680
tatagcgatg	gcgtcgtgca	gatgcagcac	gtcgcacaca	gacatgggga	acttggcatg	1740

```

acgtcacacc gagatgcagc aacgacgtca cgggccatgt cgacgtcaca catattaatg 1800
tcacacagac gcggcgatgg catcacacag acggtgatga tgtcacacac agacacagtg 1860
acaacacaca ccatgacaac gacacctata gatatggcac caacatcaca tgcacgcatg 1920
cccttttcaca cacactttct acccaattct cacctagtgt cacgttcccc cgaccctggc 1980
5 acacgggcca aggtacccac aggatcccat cccctcccgc acagccctgg gccccagcac 2040
ctccccctcct ccagcttcct ggctctccag ccacttcctc acccccagtg cctggacccg 2100
gaggtgagaa caggaagcca ttcacctcgc ctcttgagc gtgagtgtt ccaggacccc 2160
ctcggggccc tgagccgggg gtgagggtca cctgttgtcg ggaggggagc cactccttct 2220
cccccaactc ccagccctgc ctgtggcccg ttgaaatgtt ggtggcactt aataaatatt 2280
10 agtaaatacct taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 389 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```

      gccaaaaaga  tggcttcaaa  agtaagaatg  aaacatttga  tccattcagc  tttaggctat  60
      gccactggat  tcatgtctag  aaaagatagg  ataatttctg  taaagaaatg  aagaccttgc  120
      tattctaaaa  tcagatcctt  acagatccag  atttcaggaa  acaaatacat  aggggactaa  180
5      ctttccttgt  tcagattagt  ttttctcctt  tgcacccagc  tatataatat  gaggaagtat  240
      tgacttttta  aaagtgtttt  agttttccat  ttctttgata  tgaaaagtaa  tatttcggga  300
      gaaccctgag  ctattaataa  tctatgtggc  tagtgcgtat  atattggtct  gaatttggtc  360
      tccttttggtg  gtgtccagtg  ggtaacatc

```

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 157 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

35

tgctttaaac agctgtgtca aaaactgaca tcagagagta aattgaattt ggttttgtag 60  
 gaagcaggaa gcaagccac tcaaactga aatttggcat gagggatcca gtaactttct 120  
 cctcaatctg tgaactatat gtgagtttga tattttg

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

---

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 561 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

25

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

aatagtcaaa acataaaca aagctaatta actggcactg ttgtcacctg agactaagtg 60  
 gatgttggtg gctgacatac aggtcagcc agcagagaaa gaattctgaa ttccccttgc 120  
 35 tgaactgaac tattctgtta catatgggtg acaaatctgt gtgttatttc ttttctacct 180

accatatttta aatttatgag tatcaaccga ggacatagtc aaaccttcga tgatgaacat 240  
 tcctgatttt ttgcctgatt aatctctgtt gagctctact tgtggtcatt caagatttta 300  
 tgatgttgaa aggaaaagtg aatatgacct ttaaaaattg tattttgggt gatgatagtc 360  
 tcaccactat aaaactgtca attattgcct aatgttaaag atatccatca ttgtgattaa 420  
 5 ttaaacctat aatgagtatt cttaatggag aattcttaat ggatggatta tcccctgac 480  
 ttttctttta aatttctctg cacacacagg acttctcatt ttccaataaa tgggtgtact 540  
 ctgccccaat ttctaggaaa a

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1508 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

35

cacaaacacg agagactcca cggctctgct gagcaccgcc agcctcctag gctccagcac 60

```

tcgcagggtcc attcttctcgc acgagcctct ctgtccagat ccataagcac ggtcagctca 120
gggtcgcgga gcagtacgag gacaagtacc agcagcagct cctctgaaca gagactgcta 180
ggatcatcct tctcctccgg gctgttgct gatggcataa tccgggtgca acccaaactct 240
gagctcaagc cagggtgagct taagccactg agcaaggaaag atttgggcct gcacgcctac 300
5 aggtgtgagg actgtggcaa gtgcaaatgt aaggagtgca cctacccaag gcctctgcca 360
tcagactgga tctgcgacaa gcagtgcctt tgctcgcccc agaacgtgat tgactatggg 420
acttgtgtat gctgtgtgaa aggtctcttc tctactgtt ctaatgatga tgaggacaac 480
tgtgtgaca acccatgttc ttgcagccag tctactgtt gtacacgatg gtcagccatg 540
ggtgtcatgt cctctctttt gccttgttta tgggtgttacc ttccagccaa gggttgcctt 600
10 aaattgtgcc aggggtgtta tgaccgggtt aacaggcctg gttgccgctg taaaaactca 660
aacacagttt gctgcaaagt tcccactgtc ccccctagga actttgaaaa accaacatag 720
catcattaat caggaatatt acagtaatga ggattttttc tttctttttt taatacacat 780
atgcaaccaa ctaaacagtt ataatcttgg cactgttaat agaaagttag gatagtcttt 840
gctgtttgct gtgaaatgct ttttgtccat gtgccgtttt aactgatatg cttgttagaa 900
15 ctcagctaata ggagctcaaa gtatgagata cagaacttgg tgacccatgt attgcataag 960
ctaaagcaac acagacactc ctaggcaaag tttttgtttg tgaatagtac ttgcaaaact 1020
tgtaaattag cagatgactt ttttccattg ttttctccag agagaatgtg ctatatTTTT 1080
gtatatacaa taatatTTTgc aactgtgaaa aacaagtggg gccatactac atggcacaga 1140
cacaaaatat tatactaata tgttgtacat tcggaagaat gtgaatcaat cagtatgttt 1200
ttagattgta ttttgcctta cagaaagcct ttattgtaag actctgattt ccctttggac 1260
ttcatgtata ttgtacagtt acagtaaaat tcaaccttta ttttctaatt ttttcaacat 1320
attgttttagt gtaaagaata tttatttgaa gttttattat tttataaaaa agaataTTTta 1380
ttttaagagg catcttacaa attttgcccc ttttatgagg atgtgatagt tgctgcaaat 1440
gaggggttac agatgcataat gtccaatata aaatagaaaa tatattaacg tttgaaatta 1500
25 aaaaaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

### 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 389 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```
10  gggcaggtga  tcagggcaca  catttcccgt  ccattgagac  agtagcattc  ccggcaccca  60
    tcgtgccagc  tctcctcatt  tttatgatga  tgaccatcca  cggtgagaca  agtgcccgac  120
    aggatgggtg  gcccagctga  agcacaggcc  gctctgcact  tgcagataag  acagccgtga  180
    ctgtcctgct  ggaaacccaa  ggggcagatc  ttactgcatg  agagctctgg  acatttctta  240
    cagcgacaga  tgtcacagcc  gtgcttattc  ttcagcaatc  caagtggaca  atacttgtca  300
    cagattatgg  gtctgcactt  cttgggcctt  gggcggcact  cacagatctc  acagtttttg  360
    acctcggccg  cgaccacgct  ggggtaccga
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 981 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle



## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```

10  tttttttttt ttggattgca aaaatttatt aaaattggag acactgtttt aatcttcttg 60
    tgccatgaga ctccatcagg cagtctacaa agaccactgg gaggtgagg atcacttgag 120
    cccagaagtt tgaggctgta gtaagcttca aaggccactg cactctagct tgggtgaggc 180
    aagacccttt caagcagtaa gctgcatgct tgcttggtgt ggtcattaaa aaccctagtt 240
    taggataaca acatattaat cagggcaaaa tacaaatgtg tgatgcttgt tagtagagta 300
    acctcagaat caaaatggaa cggttttaca gtgatatcat tatatttcat ttggcagaat 360
    cattacatca ttggttacac tgaaaatcat cacatgtacc aaaagctgac tcacctagtt 420
    taggataaca ggtctgcctg tttgaagatg aaaaataata cccattttaa atttgcccta 480
    ctcaatttcc ttctcagtca cattttaact tttaaacagc taatcactcc catctacaga 540
    ttaaggtgta tatgccacca aaaccttttg ccacctttaa aatttccttc aaagttaaaa 600
    ctaatgcctg catttcttca atcatgaatt ctgagtcctt tgcttcttta aaacttgctc 660
20  cacacagtggt agtcaagccg actctccata cccaagcaag tcatccatgg ataaaaacgt 720
    taccaggagc agaaccatta agctggtcca ggcaagttgg actccaccat ttcaacttcc 780
    agctttctgt ctaatgcctg tgtgccaatg gcttgagtta ggcttgctct ttaggacttc 840
    agtagctatt ctcatccttc cttggggaca caactgtcca taaggtgcta tccagagcca 900
    cactgcatct gcaccagca ccatacctca caggagtcca ctcccacgag ccgcctgtat 960
25  ataagagttc ttttgatgac g

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 401 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

15 ataactacag cttcagcaga caactaaaga gactgcatta aggtgatttc tctggctata 60  
aagagagccc ggccgcagag catgtgactg ctgggacctc tgggataggc aacactgccc 120  
tctctcccc agagcgaccc ccggggcagg tcggggccca aggaatgacc cagcaactgc 180  
tccctaccca gcacactctc ttacttgcca cctgcaatta tgctgtgaag atgactgggt 240  
gtggtcatca cgattcagag aaatcaagat ctatgaccat tttaggcaaa gagagaaact 300  
tggagaattg ctgaggacta ctgaaccttg ttttgctttt ttaaaaaata ctaaatcctc 360  
20 acttcagcat atttagttgt cattaaaatt aagctgatat t

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1002 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

15	gacaatataa	aaagtggaaa	caagcataaa	ttgcagacat	aaaataatct	tctggtagaa	60
	acagttgtgg	agaacagggt	gagtagagca	acaacaacaa	aagcttatgc	agtcaccttc	120
	tttgaaaatg	ttaaatacaa	gtcctattct	ctttgtccag	ctgggttttag	ctagaggtag	180
	ccaattactt	ctcttaaggt	ccatggcatt	cgccaggatt	ctataaaaagc	caagttaact	240
	gaagtaaata	tctggggccc	atcgcacccc	cactaagtac	tttgtcacca	tgttgtatct	300
	taaaagtcac	ttttcactgt	ttgactcaga	atttgggact	tcagagtcaa	acttcattgc	360
20	ttactccaaa	cccagtttaa	ttccccactt	ttttaagtag	gcttagcttt	gagtgatattt	420
	tggctataac	cgaaatgtaa	atccaccttc	aaacaacaaa	gtttgacaag	actgaaatgt	480
	tactgaaaac	aatggtgcca	tatgctccaa	agacatttcc	ccaagataac	tgccaaagag	540
	tttttgagga	ggacaatgat	cattttattat	gtaggagcct	tgatatctct	gcaaaataga	600
	attaatacag	ctcaaatgga	gtagtaacca	agctttttctg	cccaggaagt	aacaaacatc	660
25	actacgaaca	tgagagtaca	agaggaaaact	ttcataatgc	atttttttcat	tcatacatte	720
	attcaataaa	cattagccaa	gctaattgtcc	caagccactg	tgccagggtat	taacaatata	780
	acaacaataa	aagacacagt	ccttcctctc	aagggtgttca	gtctagtagg	gaagatgatt	840
	attcattaaa	attttttggtg	catcagaatc	atgaggagct	tgtcaaaaat	gtaaattcct	900
	gcctatgttc	tcagatatcc	tggtttaggtc	aggagtggga	acccaaaatc	aattcttttta	960
	acaaacacta	aaggtgattc	taacacaggc	ggtgtgagga	cc		

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 280 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

20

```
cgaggtgggc caccgtgtc tggctctgaga tttttaaatg aggattacat tctcctatatt 60
ataatattcc tattctaatac tattgtattc ttacaattaa atgtatcaaa taattccttaa 120
aaacattatt agaaacaaac tgcctaatac cttataagac taaaaaaatc accaagatga 180
aactgtatta tgactctcaa tattttaaaca ttttaaaaaa tgttagtgtt tgtaagcac 240
caatcttaac tatttcacct gcccgggcgg ccgctcgagg
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2041 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

15

	ccccccgcag	aactcccccc	tggaatagga	ttttttaaacc	ccttgacaat	tagaaatcct	60
	atagaggtta	gcatttttta	ggtaaaaata	tggttgcccc	tacagggatc	atgcaacttc	120
	cttaaaacca	attcagcaca	tatgtataaa	gaaccctttt	taaaaacatt	tgtacttgaa	180
20	atacagacac	agtgatgctg	aagacactaa	acaaaaactg	aaaagtacta	taccttgata	240
	aattttgtta	ttgccttctt	tagagacttt	ataatctcta	gttgattttc	aaggacttga	300
	atttaataat	ggggtaatta	cacaagacgt	aaaggatttt	ttaaaaacaa	gtattttttt	360
	ttacctctag	catcaattct	tttataaaga	atgctaaata	aattacattt	tttgttcagt	420
	aaaactgaag	atagaccatt	taaatgcttc	taccaaattt	aacgcagctt	aattagggac	480
25	caggtaacata	ttttcttctg	aacatttttg	gtcaagcatg	tctaaccata	aaagcaaata	540
	gaatttttaag	aggtagattt	tttttccatg	atgcattttg	ttaataaatg	tgtcaagaaa	600
	ataaaaaacaa	gcaactgagtg	tggtctcttg	aagtataagg	gtctaataaa	aaataaaaaga	660
	tagatatttg	ttatagtctg	acattttaac	agtcataagta	ttagacgttt	cgtgaccagt	720
	gcatttttgga	ctctctcagg	atcaaaatac	gagtcctgcca	actgtattaa	atcctcctcc	780
30	acccctcca	ccagttggtc	cacagcttcc	tggtgggtcg	ttgtcatcaa	atccattggg	840
	ccgaaatgaa	catgaagcag	atgcagcttg	gagggcccgg	gctcgagcat	tcaactcttg	900
	ttcctgtaaa	tatagtttat	tgtcttttgt	tatagcatcc	ataagttctt	tctgtagagg	960
	tgggtctcca	tttatccaga	gtccactggg	tgggttatta	ccacttaaac	cattagtact	1020
	atgctgtttt	ttatacaaaa	gcacataagc	tgtgtccttt	ggaaacctgc	tcgtaatttt	1080
35	ctggactgac	tgaaatgaag	taaatgtcac	tctactgtca	ttaaataaaa	acccattctt	1140
	ttgacatttc	cttattttcc	aaatcctgtt	caaaaaactgc	actgggacta	tctctcccta	1200
	gtaaatgact	ctgggaggat	gctaatagcca	gagcctcaga	ctgggtggtac	atctgatatg	1260
	aagagtctgt	acttgtgata	tttctggcat	aagaatagta	atgcccactt	tcagaggata	1320
	taccagagtg	aaccacaacg	gaacttaata	gatagggcac	caattttgtg	caggaagctt	1380
40	catcagtcac	tgaaggcttt	aatttttttag	caaggttctc	actaagatca	gtgaagtcaa	1440
	catctacaga	ccaactttct	gacaatgaag	agaaagaagt	aattcttcta	actggcaact	1500
	ccaaaaccag	tgggccagtga	tacattgtct	aaaattttcc	ttctcacatg	atacttctga	1560
	tcatatgaaa	atctcaggag	agtaagaata	aggtattcag	gttcctccgt	gatttgcata	1620
	gttttctcag	catttttgag	agaggcacag	ttttcacaa	aatattgggt	atcaccagta	1680
45	agaatctctg	gagcccaaaa	aataatttag	taagtcagtt	actgaagggtg	tggtttcacc	1740

```

tccccggtttc tgaggtacat ctttattaac aagaatcttg ttagattcgt tagggacaga 1800
agtgttttca gaacagtaaa actcattagg aggactgcct atgggtttttt cattcacaag 1860
tgagtcacag atgaaggcag ctgttggttg attataaact actggctctt ctgaaggacc 1920
gggtacagac gcttgcatta gaccaccatc ttgtatactg ggtgatgatg ctggatcttg 1980
5 gacagacatg ttttccaaag aagaggaagc acaaaacgca agcgaaagat ctgtaaaggc 2040
t

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 235 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

35

```

cgccccggggc aggtgtcagg ggttccaaac cagcctgggg aaacacagcg tagacccttc 60
acctctacaa ataaaaaatt aaaaaattag ccaggtgtgg cagcgaacaa ctgtagtctc 120

```

agataactcag gagactgagc tggaaaggat cacttgagcc caagaagttc aagggttacag 180  
 tggggccacga tcatgtcatt acactccagc ttgggtgaca aaatgagact gtcta

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2732 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

30

gtgtggagtt tcagctgcta ttgactataa gagctatgga acagaaaaag cttgctggct 60  
 tcatgttgat aactacttta tatggagctt cattggacct gttaccttca ttattctgct 120  
 aaatattatc ttcttggtga tcacattgtg caaaatgggtg aagcattcaa acactttgaa 180  
 accagattct agcaggttgg aaaacattaa gtcttgggtg cttggcgctt tcgctcttct 240  
 35 gtgtcttctt ggcctcacct ggtccttttg gttgcttttt attaatgagg agactattgt 300  
 gatggcatat ctcttcacta tatttaatgc tttccaggga gtgttcattt tcatctttca 360

	ctgtgctctc	caaaagaaa	tacgaaaaga	atattggcaag	tgcttcagac	actcatactg	420
	ctgtggaggc	ctcccaactg	agagtcccca	cagttcagtg	aaggcatcaa	ccaccagaac	480
	cagtgcctcg	tattcctctg	gcacacagag	tcgtataaga	agaatgtgga	atgatactgt	540
	gagaaaacaa	tcagaatctt	cttttatctc	aggtgacatc	aatagcactt	caacacttaa	600
5	tcaaggtggc	ataaatctta	atatattatt	acaggactga	catcacatgg	tctgagagcc	660
	catcttcaag	atctatatca	tttagaggac	attcactgaa	caatgccagg	gatacaagtg	720
	ccatggatac	tctaccgcta	aatggtaatt	ttaaccaacag	ctactcgctg	cacaagggtg	780
	actataatga	cagcgtgcaa	gttgtggact	gtggactaag	tctgaatgat	actgcttttg	840
	agaaaatgat	catttcagaa	ttagtgcaca	acaacttacg	gggcagcagc	aagactcaca	900
10	acctcgagct	cacgctacca	gtcaaacctg	tgattggagg	tagcagcagt	gaagatgatg	960
	ctattgtggc	agatgcttca	tctttaatgc	acagcgacaa	cccagggctg	gagctccatc	1020
	acaaagaact	cgaggcacca	cttattcctc	agcggactca	ctcccttctg	taccaacccc	1080
	agaagaaagt	gaagtccgag	ggaactgaca	gctatgtctc	ccaactgaca	gcagaggctg	1140
	aagatcacct	acagtccccc	aacagagact	ctctttatac	aagcatgccc	aatcttagag	1200
15	actctcccta	tccggagagc	agccctgaca	tggaagaaga	cctctctccc	tccaggagga	1260
	gtgagaatga	ggacatttac	tataaaagca	tgccaaatct	tgagagctgg	catcagcttc	1320
	agatgtgcta	ccagatcagc	aggggcaata	gtgatgggta	tataatcccc	attaacaaag	1380
	aaggggtgat	tccagaagga	gatgttagag	aaggacaaat	gcagctgggt	acaagtcttt	1440
	aatcatacag	ctaaggaatt	ccaagggcca	catgcgagta	ttaataaata	aagacaccat	1500
	tggcctgacg	cagctccctc	aaactctgct	tgaagagatg	actcttgacc	tgtgttcttc	1560
	tgggtgtaaaa	aagatgactg	aaccttgtag	ttctgtgaat	ttttataaaa	catacaaaaa	1620
	ctttgtatat	acacagagta	tactaaagtg	aattatttgt	tacaaaagaaa	agagatgcca	1680
	gccagggtatt	ttaagattct	gctgctgttt	agagaaattg	tgaaacaagc	aaaacaaaac	1740
	tttccagcca	ttttactgca	gcagtctgtg	aactaaattt	gtaaatatgg	ctgcaccatt	1800
25	tttgtaggcc	tgcattgtat	tatatacaag	acgtaggctt	taaaatcctg	tgggacaaat	1860
	ttactgtacc	ttactattcc	tgacaagact	tggaagagca	ggagagatat	tctgcatcag	1920
	tttgcagttc	actgcaaate	ttttacatta	aggcaaagat	tgaaaacatg	cttaaccact	1980
	agcaatcaag	ccacaggcct	tatttcatat	gtttcctcaa	ctgtacaatg	aactattctc	2040
	atgaaaaaatg	gctaaagaaa	ttatattttg	ttctatttgc	agggtaaaaa	aaatacattt	2100
30	gtgtccaact	gaaatataat	tgtcattaaa	ataattttta	agagtgaaga	aaatattgtg	2160
	aaaagctctt	ggttgcacat	gttatgaaat	gttttttctt	acactttgtc	atggtaagtt	2220
	ctactcattt	tcacttcttt	tccactgtat	acagtgttct	gctttgacaa	agttagtctt	2280
	tattactttac	attttaaattt	cttattgcca	aaagaacgtg	ttttatgggg	agaaacaaac	2340
	tctttgaagc	cagttatgtc	atgccttgca	caaaagtgat	gaaatctaga	aaagattgtg	2400
35	tgtcacccct	gtttattctt	gaacagaggg	caaagagggc	actgggcact	tctcacaac	2460
	tttctagtga	acaaaagggtg	cctattcttt	tttaaaaaaa	taaaataaaa	cataaatatt	2520
	actcttccat	attccttctg	cctatattta	gtaatttaatt	tatttttatga	taaagttcta	2580
	atgaaatgta	aattgtttca	gcaaaattct	gctttttttt	catccctttg	tgtaaacctg	2640
	ttaataatga	gcccatact	aatatccagt	gtaaagttta	acacggtttg	acagtaataa	2700
	aatgtgaatt	ttttcaagtt	aaaaaaaaaa	aa			

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

## 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 276 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

20    ctccctaaat gatttttaaaa taaattggat aaacatatga tataaagtgg gtacttttaga 60  
      aaccgccttt gcatattttt tatgtacaaa tctttgtata caattccgat gttccttata 120  
      tattccctat atagcaaacc aaaaccagga cctcccaact gcatgcctca agtccctgtg 180  
      gagcactctg gcaactggat ggccctactt gctttctgac aaaatagctg gaaaggagga 240  
      gggaccaatt aaatacctcg gccgcgacca cgctgg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2361 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

15

25

30

35

40

45

attgtaccag	ccttgatgaa	cgtgggccct	gcttcgcttt	tgagggccat	aagctcattg	60
cccactggtt	tagaggctac	cttatcattg	tctcccgtga	ccggaagggt	tctcccaagt	120
cagagtttac	cagcagggat	tcacagagct	ccgacaagca	gattctaaac	atctatgacc	180
20 tgtgcaacaa	gttcatagcc	tatagcaccc	tctttgagga	tgtagtggat	gtgcttgctg	240
agtggggctc	cctgtacgtg	ctgacgcggg	atgggcgggt	ccacgcactg	caggagaagg	300
acacacagac	caaactggag	atgctgttta	agaagaacct	at ttgagatg	gcgattaacc	360
ttgccaaagag	ccagcatctg	gacagtgatg	ggctggccca	gattttcatg	cagtatggag	420
accatctcta	cagcaagggc	aaccacgatg	gggctgtcca	gcaatatatc	cgaaccattg	480
gaaagttaga	gccatcctac	gtgatccgca	agttttctgga	tgcccagcgc	attcacaacc	540
tgactgccta	cctgcagacc	ctgcaccgac	aatccctggc	caatgccgac	cataccaccc	600
tgctcctcaa	ctgctatacc	aagctcaagg	acagctcgaa	gctggaggag	ttcatcaaga	660
aaaagagtga	gagtgaagtc	cactttgatg	tggagacagc	catcaaggtc	ctccggcagg	720
ctggctacta	ctcccatgcc	ctgtatctgg	cggagaacca	tgcacatcat	gagtgggtacc	780
30 tgaagatcca	gctagaagac	attaagaatt	atcaggaagc	ccttcgatac	atcggcaagc	840
tgcccttttga	gcaggcagag	agcaacatga	agcgctacgg	caagatcctc	atgcaccaca	900
taccagagca	gacaactcag	ttgctgaagg	gactttgtac	tgattatcgg	cccagcctcg	960
aaggccgcag	cgatagggag	gccccaggct	gcagggccaa	ctctgaggag	ttcatcccca	1020
tctttgccaa	taaccgcgca	gagctgaaag	ccttcctaga	gcacatgagt	gaagtgcagc	1080
35 cagactcacc	ccaggggatc	tacgacacac	tccttgagct	gcgactgcag	aactgggccc	1140
acgagaagga	tccacaggtc	aaagagaagc	ttcacgcaga	ggccatttcc	ctgctgaaga	1200
gtggctcgctt	ctgcgacgtc	tttgacaagg	ccctggctcct	gtgccagatg	cacgacttcc	1260
aggatggtgt	cctttacctt	tatgagcagg	ggaagctgtt	ccagcagatc	atgcactacc	1320
acatgcagca	cgagcagtac	cggcaggcca	tcagcgtgtg	tgagcgccat	ggggagcagg	1380
40 acccctcctt	gtgggagcag	gccctcagct	acttcgctcg	caaggaggag	gactgcaagg	1440
agtatgtggc	agctgtcctc	aagcatatcg	agaacaagaa	cctcatgccca	cctcttctag	1500
tggtgcagac	cctggccccc	aactccacag	ccacactctc	cgtcatcagg	gactacctgg	1560
tccaaaaact	acagaaacag	agccagcaga	ttgcacagga	tgagctgcgg	gtgcggcggt	1620
accgagagga	gaccacccgt	atccgccagg	agatccaaga	gctcaaggcc	agtcctaaga	1680
45 ttttccaaaa	gaccaagtgc	agcatctgta	acagtgcctt	ggagttgccc	tcagtccact	1740

```

tccctgtgtgg ccactccctc caccaacact gctttgagag ttactcggaa agtgatgctg 1800
actgccccac ctgcctccct gaaaaccgga aggtcatgga tatgatccgg gccccaggaac 1860
agaaacgaga tctccatgat caattccagc atcagctcaa gtgctccaat gacagctttt 1920
ctgtgattgc tgactacttt ggcagagggtg ttttcaacaa attgactctg ctgaccgacc 1980
5 ctcccacagc cagactgacc tccagcctgg aggctgggct gcaacgcgac ctactcatgc 2040
actccaggag gggcacttaa gcagcctgga ggaagatgtg ggcaacagtg gaggaccaag 2100
agaacagaca caatgggacc tgggcgggcg ttacacagaa ggctggctga catgccagg 2160
gctccactct catctaattgt cacagccctc acaagactaa agcggaactt tttcttttcc 2220
ctggcccttc ttaattttta gtcaagcttg gcaatccctt cctctttaac taggcagggtg 2280
10 ttagaatcat ttccagatta atggggggga aggggaacct caggcaaacc tcctgaagtt 2340
ttggaaaaaa aagctggttt c

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

15

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 179 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

aggtgttaga tgctcttgaa aaagaaactg catctaagct gtcagaaatg gattctttta 60  
 acaatcaact aaaggaactg agagaaacct acaacacaca gcagtttagcc cttgaacagc 120  
 5 tttataagat caacgtgaca agttgaagga aattgaaagg aaaaaattag aactaatgc

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 905 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

tttttttttt ttctttaacc gtgtggtctt tttttcagtg ccagtgttac agatacaaca 60

```

    caaatgttcc agttagaagg aattcaaacg gaatgccaag gtccaagcca ggctcaagaa 120
    ataaaaaggg aggtttggag taatagataa gatgactcca atactcactc ttcctaaggg 180
    caaagggtact ttgatacag agtctgatct ttgaaactgg tgaactcctc ttccacccat 240
    taccatagtt caaacaggca agttatgggc ttaggagcac tttaaaattt gtggtgggaa 300
5   tagggtcatt aataactatg aatatactt ttagaagggtg accattttgc actttaagg 360
    gaatcaattt tgaaaatcat ggagactatt catgactaca gctaaagaat ggcgagaaag 420
    gggagctgga agagccttgg aagtttctat tacaataaga gcaccatata cttcatgcca 480
    aatctcaaca aaagctcttt ttaactccat ctgtccagtg tttaaaaata aactcgcaag 540
    gtctgaccag ttcttggtta caaacataca tgtgtgtgtc tgtgtgtata cagcaatgca 600
10  cagaaaaggc taccaggagc ctaatgcctc tttcaaacat tgggggaacc agtagaaaaa 660
    ggcagggtc cctaattgtc attattacat ttccattccg aatgccagat gttaaaagtg 720
    cctgaagatg gtaaccagc tagtgaggaa taaatacccc accttgccca gtccacagag 780
    aaacaacagt agaaagaagg ggcaactctt tgctgcagag acaaagttag tgttttttcg 840
    ccatggattg cagtcctctc ctccagacca gctgcttatt tcctcagggg cccagggaa 900
15  gttga

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

### 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 213 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

```

5  ggtctcttct ttcctttttt tttttccaaa agtgttcttt tatttctagt aacatatatt 60
   gtataaatac tctattttat atgcacttcc acaaaagcga tataatttaa aagttttttt 120
   cattagaaat aaatgtataa aaataaatat gttattatag gcatttatta ctaactatag 180
   tccttcttgg aaggaacacc caaaccaata cttataaagt acatgtaatt tatagtaaca 240
   tattttacta tatacatatg gaaaaaatca tattctcaca gaagagctga acagacattc 300
10 accaggatac gactgttgga ccagctgctg gagatggacc tgctaccctt cagcagcctc 360
   cccaccacaa gacaagtgat ctcaatgtcc ccaaacctgt gggaccctgt tctacacacc 420
   tcatttttgt tccggcggtt catcctcctt gtgtgattgt actgattttc atgagacaca 480
   agttacttct ttacatccat attcccaaag caggggtaca tggtaggaaa gaaagggaagt 540
   tggagggtact aagctcattg tgtctcctct agcttttacc agcatctaata gcttcactgc 600
15 tttttttcca ttgtagactt taatgcactt gaataaatac atggagtgtt tttttcctca 660
   aaatgaatta cacaaataaa gactgagatg gtccaaaaaa ggaaagagga agccatttgc 720
   gttatttcac gttgctgagc ctttctctca tgttgaacaa tctgaagttt taattctcgg 780
   tagaaataat gtataaacat tctctgaaac catagcagcc ataaacagtg ctgggtcaaag 840
   atcctatttg tactcctttc tccccccatt gttagttagg taaagtaaaa caggtcttag 900
20 taaaatctca cttttctcct acttttcatt tcccaacccc catgatacta agtatttgat 960
   aagtaccagg aaacaggggt tgtaatatgt ctaacttttt ttgacaattg ctttgttttt 1020
   tctaaacttg taatagatgt aacaaaagaa ataataataa taatgcccgg ggctttatta 1080
   tgctatatca ctgctcagag gttaataatc ctactaact atcctatcaa atttgcaact 1140
   ggcagtttac tctgatgatt caactccttt tctatctacc ccataaatcc cacttactg 1200
25 atacacctca ctgggttactg gcaagatacg ctggatccct ccagccttct tgctttccct 1260
   gcaccagccc ttcctcactt tgccttgccc tcaaagctaa caccacttaa accacttaac 1320
   tgcattctgc cattgtgcaa aagtctatga aatgttttagg tttcttttaa ggatcacagc 1380
   tctcatgaga taacacccct ccatcatggg acagacactt caagcttctt tttttgtaac 1440
   ctttcccaca ggtcttagaa catgatgacc actccccag ctgccactgg gggcagggat 1500
30 ggtctgcaca aggtctggtg ctggctggct tcacttctt tgcacactcg gaagcaggct 1560
   gtccattaat gtctcggcat tctaccagtc ttctctgcca acccaattca catgacttag 1620
   aacattcgcc ccactcttca atgacccatg ctgaaaaagt ggggatagca ttgaaagatt 1680
   ctttcttctt ctttacgaag taggtgtatt taattttagg tcgaagggca ttgccacag 1740
   taagaacctg gatggtcaag ggctctttga gagggctaaa gctgcgaatt ctttccaatg 1800
   ccgcagagga gccgctgtac ctcaagacaa cacctttgta cataatgtct tgctctaagg 1860
   tggacaaagt gtagtcacca ttaagaatat atgtgccatc agcagctttg atggcaagaa 1920
   agctgccatt gttcctggat cccctctggt tccgctgttt cacttcgatg ttggtggctc 1980
   cagttggaat tgtgatgata tcatgatatc caggttttgc actagtaact gatcctgata 2040
   tttttttaca agtagatcca tttccccgc aaacaccaca tttatcaaac ttcttttttg 2100
40 agtctatgat gcgatcacia ccagctttta caca

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1626 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

20

	ggacaatttc	tagaatctat	agtagtatca	ggatatatatt	tgcttttaaaa	tatatattttgg	60
	ttatttttgaa	tacagacatt	ggctccaaat	tttcatcttt	gcacaatagt	atgacttttc	120
	actagaactt	ctcaacattt	gggaactttg	caaatatgag	catcatatgt	gttaaggctg	180
	tatcatttaa	tgctatgaga	tacattgttt	tctccctatg	ccaaacaggt	gaacaaacgt	240
25	agttgttttt	tactgatact	aaatgtttggc	tacctgtgat	tttatagtat	gcacatgtca	300
	gaaaaaggca	agacaaatgg	cctcttgtac	tgaatacttc	ggcaaactta	ttgggtcttc	360
	attttctgac	agacaggatt	tgactcaata	tttgtagagc	ttgcgtagaa	tggtattacat	420
	ggtagtgatg	cactggtaga	aatggttttt	agttattgac	tcagaattca	tctcaggatg	480
	aatcttttat	gtctttttat	tgtaagcata	tctgaattta	ctttataaag	atgggttttag	540
30	aaagctttgt	ctaaaaattt	ggcctaggaa	tggttaacttc	attttcagtt	gccaaaggggt	600
	agaaaaataa	tatgtgtgtt	gttatgttta	tggttaacata	ttattaggta	ctatctatga	660
	atgtatttaa	atatttttca	tattctgtga	caagcattta	taatttgcaa	caagtggagt	720
	ccatttagcc	cagtgggaaa	gtcttggaac	tcaggttacc	cttgaaggat	atgctggcag	780
	ccatctcttt	gatctgtgct	taaactgtaa	tttatagacc	agctaaatcc	ctaacttggg	840
35	tctggaatgc	attagttatg	ccttggtacca	ttcccagaat	ttcaggggca	tcgtgggttt	900
	ggtctagtga	ttgaaaacac	aagaacagag	agatccagct	gaaaaagagt	gatcctcaat	960
	atcctaacta	actggtcctc	aactcaagca	gagtttcttc	actctggcac	tgtgatcatg	1020
	aaacttagta	gaggggattg	tgtgtatttt	atacaaattt	aataacaatgt	cttacattga	1080
	taaaattcct	aaagagcaaa	actgcatttt	atttctgcat	ccacattcca	atcatattag	1140
40	aactaagata	tttatctatg	aagatataaa	tgggtgcagag	agactttcat	ctgtggattg	1200
	cgttggtttc	taggggttcc	agcactgatg	cctgcacaag	catgtgatat	gtgaaataaa	1260
	atggattctt	ctatagctaa	atgagttccc	tctggggaga	gttctggtac	tgcaatcaca	1320

atgccagatg gtgtttatgg gctatattgtg taagtaagtg gtaagatgct atgaagtaag 1380  
 tgtgtttgtt ttcattcttat ggaaactctt gatgcatgtg cttttgtatg gaataaattt 1440  
 tgggtgcaata tgatgtcatt caactttgca ttgaattgaa ttttggttgt atttatatgt 1500  
 attatacctg tcacgcttct agttgcttca accattttat aaccattttt gtacatatatt 1560  
 5 tacttgaaaa tatttttaa at ggaaatttaa ataaacattt gatagtttac ataataaaaa 1620  
 aaaaaa

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1420 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

35

gttcagcatt gtttctgctt ctgaaatctg tatagtacac tggtttgtaa tcattatgtc 60  
 ttcattgaaa tccttgctac ttctcttctt cctcaatgaa agacacgaga gacaagagcg 120



```

acacaagctt aagaaaaaacg agcaaggaag agtatcttca ttattctcat tttctctgag 180
ttggaacaa aaacatgaag gactccaact agaagacaga tatttacatt taaatagatt 240
agtgggaaaa ctttaagagt ttccacatat tagttttcat tttttgagtc aagagactgc 300
tccttgtaact gggagacact agtagtatat gtttgtaatg ttactttaaa attatctttt 360
5  ttttttataa ggcccataaa tactgggttaa actctgttaa aagtgggcct tctatcttgg 420
atggttttcac tgccatcagc catgctgata tattagaaat ggcattcccta tctacttact 480
ttaatgctta aaattataca taaaatgctt tatttagaaa acctacatga tacagtgggtg 540
tcagccttgc catgtatcag tttcacttga aatttgagac caattaaatt tcaactgttt 600
aggggtggaga aagagggtact ggaaaacatg cagatgagga tatcttttat gtgcaacagt 660
10 atccttttgca tgggaggaga gttactcttg aaaggcaggc agcttaagtg gacaatgttt 720
tgtatatagt tgagaatttt acgacacttt taaaaattgt gtaattgtta aatgtccagt 780
tttgctctgt tttgcctgaa gtttttagtat ttgttttcta ggtggacctc tgaaaaccaa 840
accagtacct ggggagggtta gatgtgtgtt tcaggccttg agtgtatgag tggttttgct 900
tgtattttcc tccagagatt ttgaacttta ataattgcgt gtgtgttttt ttttttttaa 960
15 gtggctttgt ttttttttct caagtaaaat tgtgaacata tttcctttat aggggcaggg 1020
catgagttag ggagactgaa gagtattgta gactgtacat gtgccttctt aatgtgtttc 1080
tcgacacatt ttttttcagt aacttgaaaa ttcaaaaggg acatttggtt aggttactgt 1140
acatcaatct atgcataaat ggcagcttgt tttcttgagc cactgtctaa attttgtttt 1200
tatagaaatt ttttatactg attggttcat agatggtcag ttttgtagac agactgaaca 1260
atacagcact ttgccaaaaa tgagtgtagc attgttttaa cattgtgtgt taacacctgt 1320
tctttgtaat tgggttggtg tgcattttgc actacctgga gttacagttt tcaatctgtc 1380
agtaaataaa gtgtccttta acttcaaaaa aaaaaaaaaa

```

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 689 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

```
10 aaacaaacaa aaaaaaagtt agtactgtat atgtaaatac tagctttttca atgtgctata 60
   caaacaatta tagcacatcc ttcctttttac tctgtctcac ctcccttagg tgagtacttc 120
   cttaaataag tgctaaacat acatatacgg aacttgaaag ctttggttag ccttgcccta 180
   ggtaatcagc ctagttttaca ctgtttccag ggagtagttg aattactata aaccattagc 240
   cacttgctctc tgcaccattt atcacaccag gacaggggtct ctcaacctgg gcgctactgt 300
   catttggggc caggtgattc ttccttgcaa gggctgtcct gtacctgccc gggcgggccgc 360
   tcgaagcgtg gtgcgcggccg aggtactgaa aggaccaagg agctctggct gccctcagga 420
   attccaaatg accgaaggaa caaagcttca gggctctggg tgggtgtctcc cactattcag 480
   gaggtggtcg gaggtaacgc agcttcattt cgtccagtc tttccagtat ttaaagttgt 540
   tgtcaagatg ctgcattaaa tcaggcaggt ctacaaaggc atcccaagca tcaaacaatgt 600
20 ctgtgatgaa gtaatcaatg aaacaccgga acctccgacc acctcctgaa tagtgggaga 660
   cacacccaga gcctgaagtt tgtccttcg
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 471 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

10

```
tcccagcggc atgaagtctg agattggcca ggccctgtac ctgggcttca tctccttcgt 60
ccctctcgtc cattgggtggc accctgcttt gcctgtcctg ccaggacgag gcaccctaca 120
agccctaacc caggccccgc ccagggccac cagcaccact gcaaacaccg cacctgccta 180
ccagccacca gctgcctaca aagacaatcg ggccccctca gtgacctcgg ccaccacagc 240
15 ggggtacaggc tgaacgacta ctgtgtgagtc cccacagcct gcttctcccc tgggctgctg 300
tgggctgggt cccggcgagg ctgtcaatgg aggcaggggt tccagcacia agtttacttc 360
tgggcaattt ttgtatccaa ggaaataatg tgaatgcgag gaaatgtctt tagagcacag 420
ggacagaggg ggaaataaga ggaggagaaa gctctctata ccaaagactg a
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 929 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

30 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

10

	ggatgaactca	gtgcattggg	ccaatgggtc	gacacaggct	ctgccagcca	caaccatcct	60
	gctgcttctg	acggtttggc	tgctgggtgg	ctttcccctc	actgtcattg	gaggcatcct	120
	tgggaagaac	aacgccagcc	cctttgatgc	accctgtcgc	accaagaaca	tcgcccggga	180
	gattccaccc	cagccctggg	acaagtctac	tgcatccac	atgactgttg	gaggcttcct	240
15	gcctttcagt	gccatctctg	tggagctgta	ctacatcttt	gccacagtat	ggggtcggga	300
	gcagtacact	ttgtacggca	tcctcttctt	tgtcttcgcc	atcctgctga	gtgtgggggc	360
	ttgcatctcc	attgcaactca	cctacttcca	gttgtctggg	gaggattacc	gctgggtggg	420
	gcgatctgtg	ctgagtgttg	gctccaccgg	cctcttcac	ttcctctact	cagttttcta	480
	ttatgcccgg	cgctccaaca	tgtctggggc	agtacagaca	gtagagtctt	tcggctactc	540
20	cttactcact	ggttatgtct	tcttcctcat	gctgggcacc	atctcctttt	ttcttccct	600
	aaagtctatc	cggatatatct	atgttaacct	caagatggac	tgagtctctgt	atggcagaac	660
	tattgctgtt	ctctcccttt	cttcatgccc	tgttgaactc	tcctaccagc	ttctcttctg	720
	attgactgaa	ttgtgtgatg	gcattgttgc	cttccctttt	tccctttggg	cattccttcc	780
	ccagagaggg	cctggaaatt	ataaatctct	atcacataag	gattatatat	ttgaactttt	840
25	taagttgcct	ttagttttgg	tcctgatttt	tctttttaca	attaccaaaa	taaaatttat	900
	taagaaaaag	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa				

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

15

	gaacgtgatg	ggaacttttg	gaggatgtct	gagaaaatgt	ccgaagggat	tttggccaac	60
	accagaaaac	gccaatgtcc	taggaattcc	ctcccaaat	gcttcccaa	aaattactca	120
	ttgacaattc	aaattgcact	tggctggcgg	cagcccgggc	ggccttcagt	ccgtgtgggg	180
	cgcccgcgtg	gccttctcct	cgtaggactc	cccaaactcg	ttcactctgc	gtttatccac	240
20	aggataaagc	caccgctggg	acaggtagac	cagaaacacc	acgtcgtccc	ggaagcaggc	300
	cagccgggtga	gacgtgggca	tgggtgatgat	gaaggcaaag	acgtcatcaa	tgaaggtggt	360
	gaaagccttg	taggtgaagg	ccttccaggg	cagatgtgcc	actgacttca	acttgtagtt	420
	cacaaagagc	tggggcagca	tgaagaggaa	accaaaggca	tagaccccg	tgacgaagct	480
	gttgattaac	caggagtacc	agctcttata	tttgatatcc	aggagtgaat	agacagcacc	540
25	cccagacacag	agagggtaca	gcaggataga	caagtacttc	atggcctgag	tatcgacttc	600
	ctcgggttttc	ctctcagatt	cgctgtaagt	gccaaactga	aattcgggca	tcaggcctct	660
	ccaaaaaata	gtcatcttca	atgccttctt	cactttccac	agctcaatgg	cggctccaac	720
	acccgccggg	accagcacca	gcaggctcgt	ctgctcgtcc	agcaggaaca	gaaagatgac	780
	cacggtgctg	aagcagcgcc	agagcactgc	cttggtggac	atgccgatca	tgcctcttct	840
30	cttcttccag	aaactgatgt	cattttttaa	ggccaggaaa	tcaaagagaa	gatggaacgc	900
	tgcgacaaag	aaggtcagcg	ccaggaagta	taagttagta	tctacaaaa	ttcctttcac	960
	ctcatcagca	tctttctctg	aaaacccgaa	ctgctgcagg	gagtacacgg	cgtcctgcat	1020
	gtggatccag	aagcgcagcc	gccccagtga	gaccttgctg	taggacacgg	tgaggggcag	1080
	ctcgggtggg	gagcgggtta	tgaccatcag	gtccttcacg	cggttgctga	gctgggtgat	1140
35	gaacaggatg	ggcaggtaat	gcacggtttt	ccccagctgg	atcatcttca	tgtaccgatg	1200
	cacatcggca	ggcaggggag	acccgtcaaa	gacaaagtgt	tccgccatca	cgttcagcgc	1260
	cagccgcggg	cgccagtggg	acactggctc	atccagggca	ctcgtcgggt	tcttctccgc	1320
	ctcgatctgc	tgtgtatcag	actccccggg	gagcagggtg	atcttctctg	gcttggggac	1380
	catgtaggtg	gtcagaggac	tgaccagggt	cacctgcttc	ccgtcgtgcc	acggcaggac	1440
40	cccagcgtga	tggaggaaga	tgtaggcata	cagcgtccca	ttgtttctcg	ttttctttgg	1500
	tacagaaaca	ttaactgtcc	tttcaaattt	ggactccaca	tcaaagtctt	ccacattcaa	1560
	gaccaggtcg	atgttggtct	cagcaccacg	gtgggacctc	gtcgtgggtg	acacgctcag	1620
	ctgcagcttg	ggccgcccgc	ccaggtaggg	ctggatgcag	ttggcgctcg	cggagcacgg	1680
	gcgggtgtag	acgatgccgt	acatgacca	gcagggtgtc	accacgtaga	ccacgaacac	1740
45	gcccaccacc	aagctgggga	aggagctgcg	gcccc			

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1546 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

30 aaaataagta ggaatgggca gtgggtattc acattcacta caccttttcc atttgctaatt 60  
 aaggccctgc caggctggga ggggaattgtc cctgcctgct tctggagaaa gaagatattg 120  
 acaccatcta cgggcacccat ggaactgctt caagtgacca ttctttttct tctgcccagt 180  
 atttgcagca gtaacagcac aggtgtttta gaggcagcta ataattcact tgttggtact 240  
 acaacaaaac catctataac aacaccaaac acagaatcat tacagaaaaa tgttggtcaca 300  
 ccaacaactg gaacaactcc taaaggaaca atcaccaatg aattacttaa aatgtctctg 360  
 atgtcaacag ctactttttt aacaagtaaa gatgaaggat tgaaagccac aaccactgat 420  
 35 gtcaggaaga atgactccat catttcaaac gtaacagtaa caagtgttac acttccaaat 480  
 gctgtttcaa cattacaaag ttccaaaccc aagactgaaa ctgagagttc aattaaaaca 540

```

acagaaatac caggtagtgt tctacaacca gatgcatcac cttctaaaac tgggtacatta 600
acctcaatac cagttacaat tccagaaaac acctcacagt ctcaagtaat aggcactgag 660
ggtggaaaaa atgcaagcac ttcagcaacc agccggtctt attccagtat tattttgccg 720
gtgggttattg ctttgattgt aataacactt tcagtatttg ttctgggtggg tttgtaccga 780
5 atgtgctgga aggcagatcc gggcacacca gaaaatggaa atgatcaacc tcagtctgat 840
aaagagagcg tgaagcttct taccgttaag acaatttctc atgagtctgg tgagcactct 900
gcacaaggaa aaaccaagaa ctgacagctt gaggaattct ctccacacct aggcaataat 960
tacgcttaat cttcagcttc tatgcaccaa gcgtggaaaa ggagaaagtc ctgcagaatc 1020
aatcccgact tccataacct ctgctggact gtaccagacg tctgtcccag taaagtgatg 1080
10 tccagctgac atgcaataat ttgatggaat caaaaagaac cccggggctc tcctgttctc 1140
tcacatttaa aaattccatt actccattta caggagcgtt cctaggaaaa ggaattttag 1200
gaggagaatt tgtgagcagt gaatctgaca gcccaggagg tgggctcgct gataggcatg 1260
actttcctta atgtttaaag ttttccgggc caagaatttt tatccatgaa gactttccta 1320
cttttctcgg tgttcttata ttacctactg ttagtattta ttgtttacca ctatgttaat 1380
15 gcagggaaaa gttgcacgtg tattattaaa tattaggtag aaatcatacc atgctacttt 1440
gtacatataa gtattttatt cctgctttcg tgttactttt aataaataac tactgtactc 1500
aatactctaa aaatactata acatgactgt gaaaatggca aaaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 750 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

5

10

15

```

cacttgggca ccccatatct ctaaaaaat ggaaatctgg agggcaaaaa aggtgtgctg 60
aagggaagtg cctctgatgg cccaaaaacc ttcttccaaa ctagtgtagg aatggaatgg 120
atagcaaatg gatccttttt ggcctccttt ggagcatgcc ttccctatct tatccttggc 180
cccactaaag cagaacgcta cggatatctt tgtttttgcc attggatgcc tatctggcca 240
aacagccttt ccctaattgg aaaatgcagt cctgtttaaa acctttgatt tacgactact 300
tgtacatgct tgctcattac aattttgaca ttttttacat agtgaagacc ccaaacatat 360
cagtgaacaa tgacaagatc ataaagaaca gtatcatatt attatttagt cgcttttaca 420
gtggcaagcc aattttgaaa tatctcattt aaaactcaga cccaattcac tgagttatac 480
ttttaatagc ttcttcagca cactatttcc catgcattaa atatgataaa ataattctatc 540
actgcccata ggtcttgtaa aaaggaagtc tgaatacaga gccacaaca ctaaaattgt 600
ttttctagct acaaagtata gcatcatcaa cacagacacg atttggaactc cctgacaggt 660
ggattggaaa acggtgttta aagagaagag aacattttta cataaatgtc attaagaatc 720
ccaaaggcct tatttgtcac caccgtcccg

```

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1620 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

30

hergestellte partielle cDNAs

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle



## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

```

10  gcaattcccc cctcccacta aacgactccc agtaattatg tttacaaccc attggatgca 60
    gtgcagccat tcataagaac cttggtgccc cagaaaaatc tgtccttttt ggtacccaaac 120
    ctgaggtctt ttggaagata atgtagaaaa ccactaccta ttgaaggcct gtttttgcta 180
    atctgtgcaa actctgatga tacctgcctt atgtggattc ttttccacac tgctttcatt 240
    tttaagtata aagacttaga aaactagaat aatgctttta caaataatta aaagtatgtg 300
    atgttctggg ttttttccct ctttttagaa ccccgccctc atttaaaaaa ttaaaaaaaa 360
    aaaaaaaact ttttaacattt aaaaaataaa aattaacaaa atttcactta ttccaggaca 420
    cgctggcatt tggactcaat gaaaagggca cctaaagaaa ataaggctga ctgaatgttt 480
    tccataattt tcacacaata acagtccctt tctatccagc ttgcctttca tttatctcta 540
    gggttagctt ttcaggcaac atccttggtc attgcccaga aagtacctga gctatcagtg 600
    attggaatgg cacaggaaaac cgaatcacat ggggtgccct ccttggtttt tcaagtatct 660
20  tggagttgtg cacaaaaaatt aggtcatgcc ttcagtgtct tgttctttta acctaccctt 720
    tgacaatcag gtgctaataa ttgtatacta ttaaaaccag cacataagta ttgtaaatgt 780
    gtgttcctcc taggttgga gaaatgtctt tccttctatc tgggtcctgt taaagcgggt 840
    gtcagttgtg tcttttcacc tcgatttgtg aattaataga attgggggga gaggaaatga 900
    tgatgtcaat taagtttcag gtttggcatg atcatcattc tcgatgatat tctcactttg 960
25  tcgcaaattc gcccttatcg taagaacaag tttcagaatt ttccctccac tatacgactc 1020
    cagtattatg tttacaatcc attggatgag tgcagcatta taagacctg gtgccagaa 1080
    aaatctgtcc tttttggtac caaacctgag gtcttttgga agataatgta gaaaaccact 1140
    acctattgaa ggcctgtttt ggctaattct tgcaaactct gatgatacct gcttatgttg 1200
    attcttttcc acactgcttt catttttaag tataaagact tagaaaacta gaataatgct 1260
30  tttacaaata attaaaagta tgtgatgttc tgggtttttt ccttcttttt agaaccctgt 1320
    atttaaacaa gccttctttt taagtcttgt ttgaaattta agtctcagat cttctggata 1380
    ccaaatcaaa aaccacaacg gtaaaacagg gcagtatttg tgttcctaat tttaaaaagc 1440
    tttatgtata ctctataaat atagatgcat aaacaacact tccccttgag tagcacatca 1500
    acatacagca ttgtacatta caatgaaaat gtgtaactta agggatttat atatataaat 1560
35  acatatatac ctttgttaacc tttatactgt aaataaaaaa gttgctttag tcaaaaaaaaa 1620

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

40

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2968 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

20	gaaaaagtag	aaggaaacac	agttcatata	gaagtaaaag	aaaaccctga	agaggaggag	60
	gaggaggaag	aagaggaaga	agaagatgaa	gaaagtgaag	aggaggagga	agaggaggga	120
	gaaagtgaag	gcagtgaagg	tgatgaggaa	gatgaaaagg	tgtcagatga	gaaggattca	180
	gggaagacat	tagataaaaa	gccaagtaaa	gaaatgagct	cagattctga	atatgactct	240
	gatgatgac	ggactaaaga	agaaaagggt	tatgacaaag	caaaacggag	gattgagaaa	300
	cggcgacttg	aacatagtaa	aaatgtaaac	accgaaaagc	taagagcccc	tattatctgc	360
	gtacttgggc	atgtggacac	agggaaagaca	aaaattctag	ataagctccg	tcacacacat	420
	gtacaagatg	gtgaagcagg	tggtatcaca	caacaaattg	gggccacca	tggtcctctt	480
	gaagctatta	atgaacagac	taagatgatt	aaaaattttg	atagagagaa	tgtacggatt	540
	ccaggaatgc	taattattga	tactcctggg	catgaatctt	tcagtaatct	gagaaataga	600
30	ggaagctctc	tttgtgacat	tgccatttta	gttggttgata	ttatgcatgg	tttgagagccc	660
	cagacaattg	agtctatcaa	ccttctcaaa	tctaaaaaat	gtcccttcat	tggtgactct	720
	aataagattg	ataggttata	tgattggaaa	aagagtcctg	actctgatgt	ggctgctact	780
	ttaaagaagc	agaaaaagaa	tacaaaagat	gaatttgagg	agcgagcaaa	ggctattatt	840
	gtagaatttg	cacagcaggg	tttgaatgct	gctttgtttt	atgagaataa	agatccccgc	900
35	acttttgtgt	ctttggtacc	tacctctgca	catactggtg	atggcatggg	aagtctgac	960
	taccttcttg	tagagttaac	tcagaccatg	ttgagcaaga	gacttgca	ctgtgaagag	1020
	ctgagagcac	aggtgatgga	ggttaaagct	ctcccgggga	tgggcaccac	tatagatgtc	1080
	atcttgatca	atgggcggtt	gaaggaagga	gatacaatca	ttgttcctgg	agtagaaggg	1140
	cccattgtaa	ctcagattcg	aggcctcctg	ttacctcctc	ctatgaagga	attacgagtg	1200
40	aagaaccagt	atgaaaagca	taaagaagta	gaagcagctc	aggggggtaa	gattcttgga	1260
	aaagacctgg	agaaaacatt	ggctgggtta	cccctccttg	tggcttataa	agaagatgaa	1320
	atccctgttc	ttaaagatga	attgatccat	gagttaaagc	agacactaaa	tgctatcaaa	1380
	ttagaagaaa	aaggagtcct	tgtccaggca	tctacactgg	gttctttgga	agctctactg	1440

```

gaattttctga aaacatcaga agtgccctat gcaggaatta acattggccc agtgcataaa 1500
aaagatgtta tgaaggcttc agtgatgttg gaacatgacc ctgagtatgc agtaattttg 1560
gccttcgatg tgagaattga acgagatgca caagaaatgg ctgatagttt aggagttaga 1620
attttttagtg cagaaattat ttatcattta tttgatgcct ttacaaaata tagacaagac 1680
5 tacaagaaac agaaacaaga agaattttaag cacatagcag tatttccctg caagataaaa 1740
atcctccctc agtacatttt taattctcga gatccgatag tgatgggggt gacggtggaa 1800
gcaggtcagg tgaacacagg gacacccatg tgtgtcccaa gcaaaaattt tgttgacatc 1860
ggaatagtaa caagtattga aataaaccat aaacaagtgg atgttgcaaa aaaaggacaa 1920
gaagtttgtg taaaaataga acctatccct ggtgagtcac ccaaaatggt tggagacat 1980
10 tttgaagcta cagatatctt tgtagtaag atcagccggc agtccattga tgcactcaaa 2040
gactggttca gagatgaaat gcagaagagt gactggcagc ttattgtgga gctgaagaaa 2100
gtatttgaaa tcatctaatt ttttcacatg gagcaggaac tggagtaaat gcaatactgt 2160
gttgaatat cccaacaaaa atcagacaaa aaatggaaca gacgtatttg gacactgatg 2220
gacttaagta tggaaggaag aaaaataggt gtataaaatg ttttccatga gaaaccaaga 2280
15 aacttacact ggtttgacag tggtcagtta catgtcccca cagttccaat gtgctgttgc 2340
actcacctct cccttcccca acccttctct acttggctgc tgttttaaag tttgcccttc 2400
cccaaatttg gatttttatt acagatctaa agctctttcg attttatact gattaaatca 2460
gtactgcagt atttgattaa aaaaaaaaaa gcagattttg tgattcttgg gacttttttg 2520
acgtaagaaa tacttcttta tttatgcata ttcttccac agtgattttt ccagcattct 2580
tctgccatat gcctttaggg cttttataaa atagaaaatt aggcattctg atatttcttt 2640
agctgctttg tgtgaaacca tgggtgtaaaa gcacagctgg ctgcttttta ctgcttgtgt 2700
agtcacgagt ccattgtaat catcacaatt ctaaaccaa ctaccaataa agaaaacaga 2760
catccaccag taagcaagct ctggttaggct tccatgggta gtggtagctt ctctcccaca 2820
agttgtcctc ctaggacaag gaattatctt aacaaactaa actatccatc acactacctt 2880
25 ggtatgccag cacctgggta acagtaggag attttatata ttaatctgat ctgtttaatc 2940
tgatcggttt agtagagatt ttatacat

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

30

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 6011 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

10

15  
 20  
 25  
 35  
 40  
 45  
 50

ACGGGGCGCC	GGACGACCCG	CACATCTTAT	CCTCCACGCC	CCACTCGCAC	TCGGAGCGGG	60
ACCGCCCCGG	ACTCCCCCTC	GGGCCGGCCA	CTCGAGGAGT	GAGGAGAGAG	GCCGCCGGCC	120
CGGCTT	AGC	CGAGCGCAGC	ACCCCCCGCG	CCCCGCGCCA	GAAGTTTGGT	180
TGCCGGGAGA	AACTTTTTTC	TTTTTCCCC	CTCTCCCGGG	AGAGTCTCTG	GAGGAGGAGG	240
GGAAC	TCCC	CGGCCCAAGG	CTCGTGGGCT	CGGGGTCGCG	CGGCCGCAGA	300
TCCGCCCGCG	AGGGGAGGCG	CCCCCGGGGA	CCCGAGAGGG	GGGTGAGGAC	CGCGGGCTGC	360
TGGTGCGGCG	GCGGCAGCGT	GTGCCCCGCG	CAGGGGAGGC	GCCGCCCCGC	TCCCGGCCCG	420
GCTGCGAGGA	GGAGGCGGCG	GCGGCGCAGG	AGGATGTACT	TGGTGGCGGG	GGACAGGGGG	480
TTGGCCGGCT	GCGGGCACCT	CCTGGTCTCG	CTGCTGGGGC	TGCTGCTGCT	GCCGGCGCGC	540
TCCGGCACCC	GGGCGCTGGT	CTGCCTGCC	TGTGACGAGT	CCAAGTGCGA	GGAGCCCAGG	600
AACCGCCCCG	GGAGCATCGT	GCAGGGCGTC	TGCGGCTGCT	GCTACACGTG	CGCCAGCCAG	660
GGGAACGAGA	GCTGCGGCGG	CACCTTCGGG	ATTTACGGAA	CCTGCGACCG	GGGGCTGCGT	720
TGTGTCATCC	GCCCCCGCT	CAATGGCGAC	TCCCTCACCG	AGTACGAAGC	GGGCGTTTGC	780
GAAGATGAGA	ACTGGACTGA	TGACCAACTG	CTTGGTTTTA	AACCATGCAA	TGAAAACCTT	840
ATTGCTGGCT	GCAATATAAT	CAATGGGAAA	TGTGAATGTA	ACACCATTCT	AACCTGCAGC	900
AATCCCTTTG	AGTTTCCAAG	TCAGGATATG	TGCCTTTCAG	CTTTAAAGAG	AATTGAAGAA	960
GAGAAGCCAG	ATTGCTCCAA	GGCCCGCTGT	GAAGTCCAGT	TCTCTCCACG	TTGTCTTGAA	1020
GATTCTGTTC	TGATCGAGGG	TTATGCTCCT	CCTGGGGAGT	GCTGTCCCTT	ACCCAGCCGC	1080
TGCGTGTGCA	ACCCCGCAGG	CTGTCTGCGC	AAAGTCTGCC	AGCCGGGAAA	CCTGAACATA	1140
CTAGTGTCAA	AAGCCTCAGG	GAAGCCGGGA	GAGTGCTGTG	ACCTCTATGA	GTGCAAACCA	1200
GTTTTTCGGCG	TGGACTGCAG	GACTGTGGAA	TGCCCTACTG	TTCAGCAGAC	CGCGTGTCCC	1260
CCGGACAGCT	ATGAAACTCA	AGTCAGACTA	ACTGCAGATG	GTTGCTGTAC	TTTGCCAACA	1320
AGATGCGAGT	GTCTCTCTGG	CTTATGTGGT	TTCCCCGTGT	GTGAGGTGGG	ATCCACTCCC	1380
CGCATAGTCT	CTCGTGCGCA	TGGGACACCT	GGAAAGTGCT	GTGATGTCTT	TGAATGTGTT	1440
AATGATACAA	AGCCAGCCTG	CGTATTTAAC	AATGTGGAAT	ATTATGATGG	AGACATGTTT	1500
CGAATGGACA	ACTGTCGGTT	CTGTCGATGC	CAAGGGGGCG	TTGCCATCTG	CTTCACCGCC	1560
CAGTGTGGTG	AGATAAACTG	CGAGAGGTAC	TACGTGCCCC	AAGGAGAGTG	CTGCCCAGTG	1620
TGTGAAGATC	CAGTGTATCC	TTTTAATAAT	CCCGCTGGCT	GCTATGCCAA	TGGCCTGATC	1680
CTTGCCACG	GAGACCGGTG	GCGGGAAGAC	GACTGCACAT	TCTGCCAGTG	CGTCAACGGT	1740
GAACGCCACT	GCGTTGCGAC	CGTCTGCGGA	CAGACCTGCA	CAAACCCTGT	GAAAGTGCCCT	1800
GGGGAGTGTT	GCCCTGTGTG	CGAAGAACCA	ACCATCATCA	CAGTTGATCC	ACCTGCATGT	1860
GGGGAGTTAT	CAAAC	TCTGACACGG	AAGGACTGCA	TTAATGGTTT	CAAACGCGAT	1920
CACAATGGTT	GTCGGACCTG	TCAGTGCATA	AACACCCAGG	AACTATGTTT	AGAACGTAA	1980
CAAGGCTGCA	CCTTGAAC	TCCCTTCGGT	TTCCTTACTG	ATGCCCCAAA	CTGTGAGATC	2040
TGTGAGTGCC	GCCCAAGGCC	CAAGAAGTGC	AGACCCATAA	TCTGTGACAA	GTATTGTCCA	2100
CTTGGAATTGC	TGAAGAATAA	GCACGGCTGT	GACATCTGTC	GCTGTAAGAA	ATGTCCAGAG	2160
CTCTCATGCA	GTAAGATCTG	CCCCTTGGGT	TTCCAGCAGG	ACAGTCACGG	CTGTCTTATC	2220
TGCAAGTGCA	GAGAGGCCTC	TGCTTCAGCT	GGGCCACCCA	TCCTGTGCGG	CACTTGTCTC	2280

	ACCGTGGATG	GTCATCATCA	TAAAAATGAG	GAGAGCTGGC	ACGATGGGGT	CCGGGAATGC	2340
	TACTGTCTCA	ATGGACGGGA	AATGTGTGCC	CTGATCACCT	GCCCGGTGCC	TGCCTGTGGC	2400
	AACCCACCA	TTCACCCTGG	ACAGTGCTGC	CCATCATGTG	CAGATGACTT	TGTGGTGCAG	2460
	AAGCCAGAGC	TCAGTACTCC	CTCCATTTGC	CACGCCCCTG	GAGGAGAATA	CTTTGTGGAA	2520
5	GGAGAAACGT	GGAACATTGA	CTCCTGTACT	CAGTGCACCT	GCCACAGCGG	ACGGGTGCTG	2580
	TGTGAGACAG	AGGTGTGCCC	ACCGCTGCTC	TGCCAGAACC	CCTCACGCAC	CCAGGATTCC	2640
	TGCTGCCCAC	AGTGTACAGA	TCAACCTTTT	CGGCCTTCCT	TGTCCCGCAA	TAACAGCGTA	2700
	CCTAATTACT	GCAAAAATGA	TGAAGGGGAT	ATATTCCTGG	CAGCTGAGTC	CTGGAAGCCT	2760
	GACGTTTGTA	CCAGCTGCAT	CTGCATTGAT	AGCGTAATTA	GCTGTTTCTC	TGAGTCCTGC	2820
10	CCTTCTGTAT	CCTGTGAAAG	ACCTGTCTTG	AGAAAAGGCC	AGTGTGTGCC	CTACTGCATA	2880
	AAAGACACAA	TTCCAAAGAA	GGTGGTGTGC	CACTTCAGTG	GGAAGGCCTA	TGCCGACGAG	2940
	GAGCGGTGGG	ACCTTGACAG	CTGCACCCAC	TGCTACTGCC	TGCAGGGCCA	GACCCTCTGC	3000
	TCGACCGTCA	GCTGCCCCCC	TCTGCCCTGT	GTTGAGCCCA	TCAACGTGGA	AGGAAGTTGC	3060
	TGCCCAATGT	GTCCAGAAAT	GTATGTCCCA	GAACCAACCA	ATATACCCAT	TGAGAAAGACA	3120
15	AACCATCGAG	GAGAGGTTGA	CCTGGAGGTT	CCCCTGTGGC	CCACGCCTAG	TGAAAATGAT	3180
	ATCGTCCATC	TCCCTAGAGA	TATGGGTCAC	CTCCAGGTAG	ATTACAGAGA	TAAACGGCTG	3240
	CACCCAAGTG	AAGATTCTTC	ACTGGACTCC	ATTGCCTCAG	TTGTGGTTCC	CATAATTATA	3300
	TGCCCTCTCTA	TTATAATAGC	ATTCCTATTC	ATCAATCAGA	AGAAACAGTG	GATACCACTG	3360
	CTTTGCTGGT	ATCGAACACC	AACTAAGCCT	TCTTCCTTAA	ATAATCAGCT	AGTATCTGTG	3420
	GACTGCAAGA	AAGGAACCAG	AGTCCAGGTG	GACAGTTCCC	AGAGAATGCT	AAGAATTGCA	3480
	GAACCAGATG	CAAGATTCAG	TGGCTTCTAC	AGCATGCAA	AACAGAACCA	TCTACAGGCA	3540
	GACAATTTCT	ACCAAACAGT	GTGAAGAAAG	GCAACTAGGA	TGAGGTTTCA	AAAGACGGAA	3600
	GACGACTAAA	TCTGCTCTAA	AAAGTAAACT	AGAATTTGTG	CACTTGCTTA	GTGGATTGTA	3660
	TTGGATTGTG	ACTTGATGTA	CAGCGCTAAG	ACCTTACTGG	GATGGGCTCT	GTCTACAGCA	3720
25	ATGTGCAGAA	CAAGCATTC	CACTTTTCCT	CAAGATAACT	GACCAAGTGT	TTTCTTAGAA	3780
	CCAAAGTTTT	TAAAGTTGCT	AAGATATATT	TGCCTGTAAG	ATAGCTGTAG	AGATATTTGG	3840
	GGTGGGGACA	GTGAGTTTGG	ATGGGGAAAG	GGGTGGGAGG	GTGGTGTGG	GAAGAAAAAT	3900
	TGGTCAGCTT	GGCTCGGGGA	GAAACCTGGT	AACATAAAAG	CAGTTCAGTG	GCCCAGAGGT	3960
	TATTTTTTTC	CTATTGCTCT	GAAGACTGCA	CTGGTTGCTG	CAAAGCTCAG	GCCTGAATGA	4020
30	GCAGGAAACA	AAAAAGGCCT	TGCGACCCAG	CTGCCATAAC	CACCTTAGAA	CTACCAGACG	4080
	AGCACATCAG	AACCCTTTGA	CAGCCATCCC	AGGTCTAAAG	CCACAAGTTT	CTTTTCTATA	4140
	CAGTCACAAC	TGCAGTAGGC	AGTGAGGAAG	CCAGAGAAAT	GCGATAGCGG	CATTTCTCTA	4200
	AAGCGGGTTA	TTAAGGATAT	ATACAGTTAC	ACTTTTTGCT	GCTTTTATTT	TCTTCCAAGC	4260
	CAATCAATCA	GCCAGTTCCT	AGCAGAGTCA	GCACATGAAC	AAGATCTAAG	TCATTTCTTG	4320
35	ATGTGAGCAC	TGGAGCTTTT	TTTTTTTACA	ACGTGACAGG	AAGAGGAGGG	AGAGGGTGAC	4380
	GAACACCAGG	CATTTCCAGG	GGCTATATTT	CACTGTTTGT	TGTTGCTTTG	TTCTGTTATA	4440
	TTGTTGGTTG	TTCATAGTTT	TTGTTGAAGC	TCTAGCTTAA	GAAGAACTT	TTTTTAAAAA	4500
	GACTGTTTGG	GGATTCTTTT	TCCTTATTAT	ATACTGATTC	TACAAAATAG	AAACTACTTC	4560
	ATTTTAATTG	TATATTATTC	AAGCACCTTT	GTTGAAGCTC	AAAAAAAATG	ATGCCTCTTT	4620
	AAACTTTAGC	AATTATAGGA	GTATTTATGT	AACTATCTTA	TGCTTCAAAA	AACAAAAGTA	4680
	TTTGTGTGCA	TGTGTATATA	ATATATATAT	ATACATATAT	ATTTATACAC	ATACAATTTA	4740
	TGTTTTCTCG	TTGAATGTAT	TTTTATGAGA	TTTTAACGAC	AACAAAGGCA	GATAAACAGG	4800
	CATTCCATAG	CAGTGCTTTT	GATCACTTAC	AAATTTTTTG	AATAACACAA	AATCTCATTC	4860
	TACCTGCAGT	TTAATTGGAA	AGATGTGTGT	GTGAGAGTAT	GTATGTGTGT	GTGTGTGTGT	4920
45	GTGTGTGCGC	GCGCACGCAC	GCCTTGAGCA	GTCAGCATTG	CACCTGCTAT	GGAGAAGGGT	4980
	ATTCCTTTAT	TAAAATCTTC	CTCATTTGGA	TTTGCTTTCA	GTTGGTTTTT	AATTTGCTCA	5040
	CTGGCCAGAG	ACATTGATGG	CAGTTCTTAT	CTGCATCACT	AATCAGCTCC	TGGATTTTTT	5100
	TTTTTTTTTT	TCAAACAATG	GTTTGAAACA	ACTACTGGAA	TATTGTCCAC	AATAAGCTGG	5160
	AAGTTTGTGT	TAGTATGCCT	CAAATATAAC	TGACTGTATA	CTATAGTGGT	AACTTTTCAA	5220
50	ACAGCCCTTA	GCACTTTTAT	ACTAATTAAC	CCATTTGTGC	ATTGAGTTTT	CTTTTAAAAA	5280
	TGCTTGTTGT	GAAAGACACA	GATACCCAGT	ATGCTTAACG	TGAAAAGAAA	ATGTGTTCTG	5340
	TTTTGTAAAG	GAACCTTCAA	GTATTGTTGT	AAATACTTGG	ACAGAGGTTG	CTGAACTTTA	5400
	AAAAAAATTA	ATTTATTATT	ATAATGACCT	AATTTATTAA	TCTGAAGATT	AACCATTTTT	5460
	TTGTCTTAGA	ATATCAAAAA	GAAAAAGAAA	AAGGTGTTCT	AGCTGTTTGC	ATCAAGGAA	5520
55	AAAAAGATTT	ATTATCAAGG	GGCAATATTT	TTATCTTTTC	CAAAATAAAT	TTGTTAATGA	5580
	TACATTACAA	AAATAGATTG	ACATCAGCCT	GATTAGTATA	AATTTTGTGT	GTAATTAATC	5640
	CATTCCTGGC	ATAAAAAGTC	TTTATCAAAA	AAAAATTGTAG	ATGCTTGCTT	TTTGTTTTTT	5700
	CAATCATGGC	CATATTATGA	AAATACTAAC	AGGATATAGG	ACAAGGTGTA	AATTTTTTTA	5760

TTATTATTTT AAAGATATGA TTTATCCTGA GTGCTGTATC TATTACTCTT TTA CTTTGGT 5820  
 TCCTGTTGTG CTCTTGTAAG AGAAAAATAT AATTTCTCTGA AGAATAAAAT AGATATATGG 5880  
 CACTTGGAGT GCATCATAGT TCTACAGTTT GTTTTTGTTT TCTTCAAAAA AGCTGTAAGA 5940  
 GAATTATCTG CAACTTGATT CTTGGCAGGA AATAAACATT TTGAGTTGAA ATCAAAAAAA 6000  
 5 AAAAAAAAAA A

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34a:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1036 Aminosäuren

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34a:

Von Seq. ID No. 34 abgeleitete Protein-Sequenz, Start: 454bp, Stop: 3559bp

25 MYLVAGDRGL AGCGHLLVSL LGLLLLPAARS GTRALVCLPC DESKCEEPRN RPGSIVQGV C 60  
 GCCYTCA SQG NESCGGTFGI YGTCDRGLRC VIRPPLNGDS L TEYEAGVCE DENWTD DQLL 120  
 GFKPCNENLI AGCNIINGKC ECNTIRTCSN PFEFPSQDMC LSALKRIEEE KPDCSKARCE 180  
 VQFSRCPED SVLIEGYAPP GECCPLPSRC VCNPAGCLRK VCQPGNLN IL VSKASGKPGE 240  
 CCDLYECKPV FGVD CRTVEC PTVQQTACPP DSYETQVRLT ADGCCTLPTR CECLSGLCGF 300  
 PVCEVGSTPR IVSRGDGTPG KCCDVFE CVN DTKPACVFNN VEYDGD MFR MDNCRFCRCQ 360  
 GGVAICFTAQ CGEINCERY Y VPEGECCPVC EDPVYPFNNP AGCYANGLIL AHGDRWREDD 420  
 CTFCQCVNGE RHC VATVCGQ TCTNPVKVPG ECCPVCEPT IITVDPPACG ELSNCTLTRK 480  
 DCINGFKRDH NGCRTQCIN TQELCSERKQ GCTLNCPFGF LTDAQNCEIC ECRPRPKKCR 540  
 PIICDKYCPL GLLKNKHGCD ICRCKKCP EL SCSKICPLGF QQDSHGCLIC KCREASASAG 600  
 35 PPILSGTCLT VDGHHHKNEE SWHDGCRECY CLNGREMCAL ITCPVPACGN PTIHPGQCCP 660  
 SCADDFVQK PELSTPSICH APGGEYFVEG ETWNIDSCTQ CTCHSGRVLC ETEVCPPLL C 720  
 QNPSRTQDSC CPQCTDQPF R PSLSRNNSVP NYCKNDEGDI FLAAESWKPD VCTSCICIDS 780  
 VISCFSESCP SVSCERPVL R KGQCCPYCIK DTIPKKVVCH FSGKAYADEE RWDLDSC THC 840  
 YCLQGQTLCS TVSCPPLPCV EPINVEGSCC PMCPEMYVPE PTNIPIEKTN HRGEVDLEVP 900  
 40 LWPTPSENDI VHLPRDMGHL QVDYRDNRLH PSEDSSLD SI ASVVVP IIC LSIIIAFLFI 960  
 NQKKQWIPLL CWYRTPTKPS SLNNQLVSVD CKKGTRVQVD SSQRMLRIAE PDARFSGFYS 1020  
 MQKQNH LQAD NFYQTV

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 716 Basenpaare

5 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

25

```

gcagtacctg gagtgtcctg cagggggaaa gcgaaccggg ccctgaagtc cggggcagtc 60
acccggggct cctgggccgc tctgccgggc tggggctgag cagcgatcct gctttgtccc 120
agaagtccag agggatcagc ccagaacac accctcctcc ccgggacgcc gcagctttct 180
30 ggaggctgag gaaggcatga agagtgggct ccacctgctg gccgactgag aaaagaattt 240
ccagaactcg gtcctatattt acagattgag aaactatggt tcaagaagag aggacggggc 300
ttgagggaaat ctcttgattc tccttatatg acctcaaact gaccatacta aacagtgtag 360
aaggctcttt taaggctcta aatgtcaggg tctcccatcc cctgatgcct gacttgtaca 420
gtcagtgtgg agtagacggt ttctccacc cagggttgac tcagggggat gatctgggtc 480
35 ccattctggt cttaagaccc caaacaaggg ttttttcagc tccaggatct ggagcctcta 540
tctggttagt gtcgtaacct ctgtgtgcct cccgttacc catctgtcca gtgagctcag 600

```

ccccatcca cctaacaggg tggccacagg gattactgag ggtaagacc ttagaactgg 660  
gtctagcacc cgataagagc tcaataaatg tggttccttt ccacatcaaa aaaaaa

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 395 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

30

ccaatacttc attcttcatt ggtggagaag attgtagact tctaagcatt ttccaaataa 60  
aaaagctatg atttgatttc caacttttaa acattgcatg tcctttgccca tttactacat 120  
tctccaaaaa aaccttgaaa tgaagaaggc cacccttaaa atacttcaga ggctgaaaaat 180  
atgattatta cattggaatc ctttagccta tgtgatattt ctttaacttt gcactttcac 240  
35 gccagtaaa accaaagtca gggtaaccaa tgtcatttta caaaatgtta aaaccctaata 300  
tgcagttcct tttttaaat attttaaaga ttacttaaca acattagaca gtgcacaaaaa 360



agaagcaagg aaagcattct taattctacc atcct

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

5

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 134 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

30 ccctcgagcg gccgcccggg caggtacttt taccaccgaa ttgttcactt gactttaaga 60  
 aaccataaa gctgcctggc tttcagcaac aggcctatca acaccatggt gagtctccat 120  
 aaggacacc gtgt

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 644 Basenpaare  
 5 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 10 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

## 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

25

```

aagcctgttg tcatggggga ggtggtggcg cttggtggcc actggcgggc gaggtagagg 60
cagtggcgct tgagttggtc gggggcagcg gcagatttga ggcttaagca acttcttccg 120
gggaagagtg ccagtgcagc cactgtttaca attcaagatc ttgatctata tccatagatt 180
30 ggaatatttg tgggccagca atcctcagac gcctcactta ggacaaatga ggaaactgag 240
gcttggtgaa gttacgaaac ttgtccaaaa tcacacaact tgtaaagggc acagccaaga 300
ttcagagcca ggctgtaaaa attaaaatga acaaattacg gcaaagtttt aggagaaaga 360
aggatgttta tgttccagag gccagtcgtc cacatcagtg gcagacagat gaagaaggcg 420
ttcgcaccgg aaaatgtagc ttcccgggta agtaccttgg ccatgtagaa gttgatgaat 480
35 caagaggaat gcacatctgt gaagatgctg taaaaagatt gaaagctgaa aggaagttct 540
tcaaaggctt ctttggaaaa actggaaaaga aagcagttaa agcagtttct gtgggtctaa 600
gcagatggac tcagaggtcg tggatgaaaa actaaggacc tcat

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 657 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

30 ctttttgttt gggttttcca atgtagatgt ctcagtga aa tgtgcagata tactttgttc 60  
 cttatatggt caccagtgtt aattatggac aaatacatta aaacaagggt tcctggccca 120  
 gcctcccac taatctcttt gatactcttg gaatctaagt ctgaggagcg atttctgaat 180  
 tagccagtgt tgtaccaact ttctgttagg aattgtatta gaataacctt tctttttcag 240  
 acctgctcag tgagacatct tggggaatga agtaggaaaa tagacatttg gtggaaaaac 300  
 agcaaaatga gaacattaaa aagactcatt caagtatgag tataaagggc atggaaattc 360  
 35 tggtcctttg agcaaaatga gaagaaaaaa ttctgctcag cagtattcac tgtgttaaga 420  
 ttttttgttt ttacacgaa tggaaaaatg atgtgtaagt ggtatagatt ttaatcagct 480

```

aacagtcact ccagagattt tgatcagcac caattcctat agtagtaagt atttaaaagt 540
taagaaatac tactacattt aacattataa agtagagttc tggacataac tgaaaattag 600
atgtttgctt caatagaaat ttgttccac ttgtattttc aacaaaatta tcggaac

```

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1328 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

25

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

30

```

acaatttttaa aataactagc aattaatcac agcatatcag gaaaaagtac acagtgagtt 60
ctggttagtt tttgtaggct cattatgggt agggtcgtta agatgtatat aagaacctac 120
ctatcatgct gtatgtatca ctcatccat tttcatgttc catgcatact cgggcatcat 180
gctaatatgt atccttttaa gcactctcaa ggaaacaaaa gggcctttta tttttataaa 240
ggtaaaaaaa attccccaaa tattttgcac tgaatgtacc aaagggtgaag ggacattaca 300

```

35

```

    atatgactaa cagcaactcc atcacttgag aagtataata gaaaatagct tctaaatcaa 360
    acttccttca cagtgccgtg tctaccacta caaggactgt gcatctaagt aataattttt 420
    taagattcac tatatgtgat agtatgatat gcattttattt aaaatgcatt agactctctt 480
    ccatccatca aatactttac aggatggcat ttaatacaga tatttcgtat ttccccact 540
5   gcttttttatt tgtacagcat cattaaacac taagctcagt taaggagcca tcagcaacac 600
    tgaagagatc agtagtaaga attccatttt cctcatcag tgaagacacc acaaattgaa 660
    actcagaact atattttctaa gcctgcattt tcaactgatgc ataatttttct tagtaatatt 720
    aagagacagt ttttctatgg catctccaaa actgcatgac atcactagtc ttacttctgc 780
    ttaattttat gagaaggat tcttcatttt aattgctttt gggattactc cacatctttg 840
10  tttattttctt gactaatcag attttcaata gagtgaagtt aaattggggg tcataaaaagc 900
    attggattga catatggttt gccagcctat gggtttacag gcattgcccc aacattttctt 960
    tgagatctat atttataagc agccatggaa ttcttattat gggatgttgg caatcttaca 1020
    ttttatagag gtcatatgca tagttttcat aggtgttttg taagaactga ttgctctcct 1080
    gtgagttaag ctatgtttac tactgggacc ctcaagagga ataccactta tgttacactc 1140
15  ctgcactaaa ggcacgtact gcagtgtgaa gaaatgttct gaaaaagggg tatagaaatc 1200
    tggaaataag aaaggaagag ctctctgtat tctataattg gaagagaaaa aaagaaaaac 1260
    ttttaactgg aaatgttagt ttgtacttat tgatcatgaa tacaagtata tatttaattt 1320
    tgaaaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 987 Basenpaare
- 25 (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

5

aacagagact ggcacaggac ctcttcattg caggaagatg gtagtgtagg caggtaacat 60  
 tgagctcttt tcaaaaaagg agagctcttc ttcaagataa ggaagtggta gttatggtgg 120  
 taacccccgg ctatcagtcc ggatgggtgc caccctcctt gctgtaggat ggaagcagcc 180  
 10 atggagtggg agggaggcgc aataagacac ccctccacag agcttgcat catgggaagc 240  
 tggttctacc tcttcctggc tcctttgttt aaaggcctgg ctgggagcct tccttttggg 300  
 tgtctttctc ttctccaacc aacagaaaag actgctcttc aaagggtggag ggtcttcatg 360  
 aaacacagct gccaggagcc caggcacagg gctggggggc tggaaaaagg agggcacaca 420  
 ggaggaggga ggagctggta gggagatgct ggctttacct aaggctctga aacaaggagg 480  
 gcagaatagg cagaggcctc tccgtcccag gcccatTTTT gacagatggc gggacggaaa 540  
 tgcaatagac cagcctgcaa gaaagacatg tgTTTTgatg acaggcagtg tggccgggtg 600  
 gaacaagcac aggccttgga atccaatgga ctgaatcaga accctaggcc tgccatctgt 660  
 cagccgggtg acctgggtca attttagcct ctaaaagcct cagtctcctt atctgcaaaa 720  
 tgaggcttgt gatacctgtt ttgaagggtt gctgagaaaa ttaaagataa gggatatcaa 780  
 20 aatagtctac ggccatacca ccctgaacgt gcctaattct gtaagctaag cagggtcagg 840  
 cctggttagt acctggatgg ggagagtatg gaaaacatac ctgcccgcag ttggagttgg 900  
 actctgtctt aacagtagcg tggcacacag aaggcactca gtaaatactt gttgaataaa 960  
 tgaagtagcg atttggtgtg aaaaaaa

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 956 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

## 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

10

```

cggacggtgg ggcggacgcg tgggtgcagg agcagggcgg ctgccgactg ccccaaccaa 60
ggaaggagcc cctgagtcgg cctgcgcctc catccatctg tccggccaga gccggcatcc 120
ttgcctgtct aaagccttaa ctaagactcc cgccccgggc tggccctgtg cagaccttac 180
15 tcaggggatg tttacctggg gctcgggaag ggaggggaag gggccgggga gggggcacgg 240
caggcgtgtg gcagccacac gcaggcggcc agggcggcca gggacccaaa gcaggatgac 300
cacgcacctc cacgccactg cctccccga atgcatttgg aaccaaagtc taaactgagc 360
tcgcagcccc cgcgccctcc ctccgcctcc catcccgtt agcgtctctg acagatggac 420
gcaggccctg tccagcccc agtgcgctcg ttccggtccc cacagactgc ccagccaac 480
20 gagattgctg gaaaccaagt caggccagg gggcggacaa aagggccagg tgcggcctgg 540
ggggaacgga tgctccgagg actggactgt ttttttcaca catcgttgcc gcagcgggtg 600
gaaggaaagg cagatgtaaa tgatgtgttg gtttacaggg tatatttttg ataccttcaa 660
tgaattaatt cagatgtttt acgcaaggaa ggacttaccc agtattactg ctgctgtgct 720
tttgatctct gcttaccgtt caagaggcgt gtgcaggccg acagtcggtg accccatcac 780
25 tcgcaggacc aagggggcgg ggactgctgg ctcacgcccc gctgtgtcct cctccccctc 840
ccttccttgg gcagaatgaa ttcgatgcgt attctgtggc cgccatctgc gcagggtggt 900
ggtattctgt catttacaca cgtcgttcta attaaaaagc gaattatact ccaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 536 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

15

20  
 aaataaacac ttccataaca ttttgttttc gaagtctatt aatgcaatcc cacttttttc 60  
 cccttagttt ctaaagtgtta aagagagggg aaaaaaggct caggatagtt ttcacctcac 120  
 agtgtagct gtcttttatt ttactcttg aaatagagac tccattaggg ttttgacatt 180  
 ttgggaaccc agttttacca ttgtgtcagt aaaacaataa gatagtttga gagcatatga 240  
 tctaaataaa gacatttgaa gggtagttt gaattctaaa agtaggtaat agccaaatag 300  
 cattctcatc ccttaacaga caaaaactta tttgtcaaaa gaattagaaa aggtgaaaat 360  
 attttttcca gatgaaactt gtgccacttc caattgacta atgaaatata aggagacaga 420  
 ctggaaaaag tgggttatgc caccttttaa accctttctg gtaaatatta tggtagctaa 480  
 aggggtggttt ccccggcacc tggacctgga caggtagggt tccgtgggta accagt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1630 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35



(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

20	ggggaggggac	gagtatggaa	ccctgaaggt	agcaagtcca	ggcactggcc	tgaccatccg	60
	gctccctggg	caccaagtcc	caggcaggag	cagctgtttt	ccatcccttc	ccagacaagc	120
	tctattttta	tcacaatgac	ctttagagag	gtctcccagg	ccagctcaag	gtgtcccact	180
	atccccctctg	gaggggaagag	gcaggaaaat	tctccccggg	tccctgtcat	gctactttct	240
	ccatcccagt	tcagactgtc	caggacatct	tatctgcagc	cataagagaa	ttataaggca	300
	gtgatttccc	ttaggcccag	gacttgggcc	tccagctcat	ctgttccttc	tgggcccatt	360
	catggcagggt	tctgggctca	aagctgaact	ggggagagaa	gagatacaga	gctaccatgt	420
	gactttacct	gattgccctc	agtttggggt	tgcttattgg	gaaagagaga	gacaaagagt	480
	tacttgttac	gggaaatatg	aaaagcatgg	ccaggatgca	tagaggagat	tctagcaggg	540
	gacaggattg	gctcagatga	cccctgaggg	ctcttccagt	cttgaaatgc	attccatgat	600
	attaggaagt	cgggggtggg	tggtggtggg	gggctagttg	ggtttgaatt	taggggccga	660
30	tgagcttggg	tacgtgagca	gggtgttaag	ttagggtctg	cctgtatttc	tggtcccctt	720
	ggaaatgtcc	ccttcttcag	tgtcagacct	cagtcccagt	gtccatatcg	tgcccagaaa	780
	agtagacatt	atcctgcccc	atcccttccc	cagtgcactc	tgacctagct	agtgcctggg	840
	gcccagtgac	ctggggggagc	ctggctgcag	gccctcactg	gttccctaaa	ccttggtggc	900
	tgtgattcag	gtccccaggg	gggactcagg	gaggaatatg	gctgagttct	gtagtttcca	960
35	gagttggctg	gtagagcctt	ctagaggttc	agaatattag	cttcaggatc	agctgggggt	1020
	atggaattgg	ctgaggatca	aacgtatgta	ggtgaaagga	taccaggatg	ttgctaaagg	1080
	tgaggggacag	tttgggtttg	ggacttacca	gggtgatgtt	agatctggaa	cccccaagtg	1140
	aggctggagg	gagttaaggt	cagtatggaa	gatagggttg	ggacagggtg	ctttggaatg	1200
	aaagagtgac	cttagagggc	tccttggggc	tcaggaatgc	tcctgctgct	gtgaagatga	1260
40	gaagggtgctc	ttactcagtt	aatgatgagt	gactatatth	accaaagccc	ctacctgctg	1320
	ctgggtccct	tgtagcacag	gagactgggg	ctaaggggccc	ctcccaggga	agggacacca	1380
	tcaggcctct	ggctgaggca	gtagcataga	ggatccattt	ctacctgcat	ttcccagagg	1440
	actagcagga	ggcagccttg	agaaaccggc	agttcccaag	ccagcgcttg	gctgttctct	1500
	cattgtcact	gccctctccc	caacctctcc	tctaaccac	tagagattgc	ctgtgtcctg	1560

cctcttgccct cctgtagaat gcagctctgg cccccaataa atgcttcctg cattcatctg 1620  
caaaaaaaaaa

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 169 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

30

tcttttgctt ttagcttttt atttttgtat taacaggagt cttattacac ataggtctga 60  
taaaactggt ttatgatctt cagtctgatt ccagtgtgc ataactagat aacgtatgaa 120  
ggaaaaacga cgacgaacaa aaaagtaagt gcttggaaga cttagtga

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 769 Basenpaare

5 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

25

tgcagggtcat atttactatc ggcaataaaaa ggaagcaaag cagtattaag cagcggtgga 60  
 atttgtcgct ttcacttttt ataaagtgc acataaaatg tcatatttcc aaatttataaa 120  
 acataactcc agttcttacc atgagaacag catggtgatc acgaaggatc ttcttgaaaa 180  
 30 aaacaaaaac aaaaacaaaa aacaatgatc tcttctgggt atcacatcaa atgagataca 240  
 aaggtgtact aggcaatctt agagatctgg caacttattt tatatataag gcatctgtga 300  
 ccaagagacg ttatgaatta aatgtacaaa tgtattatgt ataaatgtat taaatgcaag 360  
 cttcatataa tgacaccaat gtctctaagt tgctcagaga tcttgactgg ctgtggccct 420  
 ggccagctcc tttcctgata gtctgattct gccttcatat ataggcagct cctgatcatc 480  
 35 catgccagtg aatgagaaaa caagcatgga atatataaac tttaacatta aaaaatgttt 540  
 tattttgtaa taaaatcaaa tttccattg aaaccttcaa aaactttgca gaatgagggt 600  
 ttgatatatg tgtacaagta gtaccttctt agtgcaagaa aacatcatta tttctgtctg 660

cctgcctttt tgtttttaaa aatgaagact atcattgaaa caagtttgtc ttcagtatca 720  
 ggacatgttg acggagagga aaggtaggaa agggtaggg atagaagcc

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2529 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

30

tttagttcat agtaatgtaa aaccatttgt ttaattctaa atcaaatac tttcacaaca 60  
 gtgaaaatta gtgactggtt aagggtgtgc actgtacata tcatcatttt ctgactgggg 120  
 tcaggacctg gtcctagtcc acaagggtgg caggaggagg gtggaggcta agaacacaga 180  
 aaacacacaa aagaaaggaa agctgccttg gcagaaggat gaggtggtga gcttgccgag 240  
 35 ggatgggtggg aagggggctc cctgttgggg ccgagccagg agtcccaagt cagctctcct 300  
 gccttactta gctcctggca gaggggtgagt ggggacctac gaggttcaaa atcaaattggc 360

```

atttggccag cctggcctta ctaacagggt cccagagtg cctctgtggc tgagctctcc 420
tgggctcact ccatttccatt gaagagtgcca aatgattcat ttccctaccc acaacttttc 480
attattcttc tggaaaccca ttctctgttg gtccatctga cttaagtcct ctctccctcc 540
actagttggg gccactgcac tgaggggggt cccaccaatt ctctctagag aagagacact 600
5 ccagaggccc ctgcaacttt gcggtatttc agaagggtgat aaaaagagca ctcttgagtg 660
ggtgccccagg aatgttttaa atctatcagg cacactataa agctgggtgg ttcttcctac 720
caagtggatt cggcatatga accacctact caatacttta tattttgtct gtttaaacac 780
tgaactctgg tgttgacagg tacaaaggag aagagatggg gactgtgaag aggggagggc 840
ttccctcatc ttccctcaaga tctttgtttc cataaactat gcagtcataa ttgagaaaaa 900
10 gcaatagatg gggcttccca ccatttgttg gttattgtct gggttagcca ggagcagtg 960
ggatggcaaa gtaggagaga ggcccagagg aaagcccatc tccctccagc tttggggctc 1020
ccagaaagag gctggatttc tgggatgaag cctagaaggc agagcaagaa ctgttccacc 1080
aggtgaacag tcctacctgc ttggtaccat agtccctcaa taagattcag aggaagaagc 1140
ttatgaaact gaaaatcaaa tcaagggtatt ggggaagaata atttccctc gattccacag 1200
15 gaggaagac cacacaatat cattgtgctg gggctcccca aggcctgccc acctggcttt 1260
acaaatcatc aggggttgcc tgcttggcag tcacatgctt cctgggtttt agcacacata 1320
caaggagttt tcagggaact ctatcaagcc ataccaaaat cagggtcaca tgtgggtttc 1380
ccctttcctt gcctcttccat aaaagacaac ttggcttctg aggatgggtg tcttttgcat 1440
gcagttgggc tgacctgaca aagccccagc ttccctgttg caggttcttg gagaggatgc 1500
attcaagctt ctgcagccta ggggacaggc ctgcttgctc agttattact gcctcggagc 1560
tccaaatccc accaaagtcc tgactccagg tctttcccta tgcacagtag tcagtctcag 1620
cttcggcagt attctcggct gtatgttctc tggcagagag aggcagatga acatagtttt 1680
agggagaaaag ctgatgggaa acctgtgagt taagccacat gtctcaccag gaataattta 1740
tgccaggaaa ccagggaagc attcaagttg ttctctgagg ccaaagacac tgagcacagc 1800
25 ccagagccaa taaaagatct ttgagtctct ggtgaattca cgaagtgacc ccagctttag 1860
ctactgcaat tatgattttt atgggacagc aatttcttgc atctctacag aggaagaaga 1920
gggggagtg gagggggaag aaagagaaca gagcggcact gggatttgaa aggggaacct 1980
ctctatctga ggagccccc ctggcttcag aagcaactta ccaaggggt tttaaagaca 2040
tgaaaatttc cagaaatacc atttggtgca tccctttgtt tctgtaatat taaactcagg 2100
30 tgaaattata ctctgacagt ttctctctt ctgcctcttc cctctgcaga gtcaggacct 2160
gcagaactgg ctgaaacaag atttcatggt gtcacccatg agagatgact caatgccaa 2220
gcctgaagtt atagagtgtt tacagcgggt gcgatattca ggggtcatcg ccaactggc 2280
tcgagttcca aagctctgat gaagaaaca gactccttga tgtgttactg atcccactga 2340
ttccaggagt caagattagc caggaagcca aacaccagga gttgggggtg cacgtcacca 2400
35 gtccagagcc ctgccacgga tgtacgcagg agcccagcat taggcaatca ggagccagaa 2460
catgatcacc agggccacaa ataggaagag gcgtgacagg aactgctcgt ccacatacct 2520
gggggtgtcc

```

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1553 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

15

	tttttttttt	tttttgattt	ctgggacaat	taagctttat	ttttcatata	tatatatatt	60
	ttcatatata	tatatacata	catatataaa	ggaaacaatt	tgcaaattta	cacacctgac	120
	aaaaccatat	atacacacat	atgtatgcat	acacacagac	agacacacac	acccgaagct	180
	ctagccaggc	ccgttttcca	tccctaagta	ccattctctc	atttgggccc	ttctagggtt	240
20	ggggccctga	gcttggtttg	tagaagtttg	gtgctaatat	aaccatagct	ttaatcccca	300
	tgaaggacag	tgtagacctc	atctttgtct	gctccccgct	gcctttcagt	tttacgtgat	360
	ccatcaagag	ggctatggga	gccaaagtga	cacgggggat	tgaggctaata	tcacctgaac	420
	tcgaaaacag	cgcccagctt	cctcaccgca	ggcacgcgtc	ttttcttttt	ttttcctcga	480
	gacggagtct	cgctgtgttg	cccaggctgg	agtgcagtgg	cacggtctcg	gctcactgca	540
25	agctccacct	cctggattca	taccattctc	ctgcttcagc	cttccgagta	gctgggacta	600
	taggtgccaa	ccactacgcc	tagctaattt	ttttttgtat	ttttagtaga	gacagggttt	660
	caccgtgtta	gccaggatgg	tctcgtcctg	actttgtgat	ccgcccgcct	cggcctccca	720
	aagtgtctgg	attacaggcg	tgagccacca	cacctggccc	cggcacgtat	cttttaagga	780
	atgacaccag	ttcctggctt	ctgaccaaag	aaaaaatgtc	acaggagact	ttgaagaggc	840
30	agacaggagg	gtggtggcag	caacactgca	gctgcttctg	gatgctgctg	gggtgctctc	900
	cggagcgggt	gtgaacagcg	cacttcaaca	tgagcaggcg	cctggctccg	gtgtgtcctc	960
	acttcagtgg	tgcacctgga	tggtggaagc	cagcctttgg	ggcaggaaac	cagctcagag	1020
	aggctaccca	gctcagctgc	tggcaggagc	caggatattta	cagccataat	gtgtgtaaaag	1080
	aaaaaacacg	ttctgcaaga	aactctccta	cccgtcggg	agactggggc	tccttgcttg	1140
35	ggatgagctt	cactcaacgt	ggagatgggt	gtggactggt	ccctgaaaag	cgggccttgc	1200
	agggccaaat	gaggtcctca	ggctcctaac	ccagtggccc	tctgaaagg	ggtgtgcagg	1260
	cgaggggagc	aggaggcttc	tctctagtcc	ctttggaggc	tttggctgag	agaagagtga	1320
	gcagggagct	gggaatgggt	caggcaggga	aggagactga	agtgattcgg	ggctaattgcc	1380
	tcagatcgat	gtatttctct	ccctgggtct	ccggagccct	cttgtcaccg	ctgctgcctt	1440
40	gcaggaggcc	catctcttct	gggagcttat	ctgacttaac	ttcaactaca	agttcgtctt	1500
	tacgagaccg	ggggtagcgt	gatctcctgc	ttccctgagc	gcctgcacgg	cag	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 921 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

5 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

25

	ctgtggtccc	agctactcag	gaggctgagg	cgggaggatt	gcttgagccc	aggagttgga	60
	tgttgccagt	agccaagatc	gcaccattgc	cctccactct	gggccacgga	gcaataccct	120
	gtctcagaaa	acaaacaaca	aaaagcagaa	acgctgaagg	ggtcggttta	cgggaaaacc	180
	gcctgtcaga	acacttggct	actcctaccc	cagatcagt	gacctgggaa	tgagggttgg	240
30	tcccgggagg	cttttctcca	agctgttgcc	accagaccgc	ccatgggaac	cctggccaca	300
	gaagcctccc	ggggagtgag	ccagagcctg	gaccgctgtg	ctgatgtgtc	tgggggtggag	360
	ggaggggtgg	gagtggtgca	gggtgtgtgt	gtgcccgggg	ggtgttcatg	ggcaagcatg	420
	tgcgtgcctg	tgtgtgtgcg	tgcccctccc	ctgcagccgt	cggtggtatc	tccctccagc	480
	cccttcgcca	ccttctgagc	attgtctgtc	cacgtgagac	tgcccagaga	cagcagagct	540
35	ccacgtgggt	ttaaggggag	acctttccct	ggacctgggg	gtctcgccgt	atctcatgac	600
	caggtgctaa	atgacccgac	atgcatcacc	tgcccttcga	tgaccaacct	ccctgtcccc	660
	gtcccgtga	cctgcccccg	tggcgtctca	cgggtgatgcc	tgctcctgac	attggtgttc	720
	actgtagcaa	actacattct	ggatgggaat	tttcatgtac	atgtgtggca	tgtggaaaat	780

ttcaaataaa atggacttga tttagaaagc caaaaagctg tgtgggcctt ccagcacgga 840  
 tactttgacc tcttgcctac aaccccttcc ttgggtccga ggctggtagc tttgttcact 900  
 tcagatggtt gggggcggtt g

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 338 Basenpaare  
 10 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 15 hergestellte partielle cDNAs

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

30

atgatctatc tagatgccct accgtaaaat caaaacacaa aaccctactg actcattccc 60  
 tcccttccag atattacccc atttctctac ttcccattgt agccaaactt tccaaaaatt 120  
 catgttctgt cttcatttcc tcatgttcaa cccaccctgt cttagctacc acccctcagt 180  
 35 aacgacctag cctgggtaga aacaaatgtc agcatgatac catactcaat gatccttcgt 240



cactgttggtc attgtcatca ttccatggcc ttactttccc tctcagcgcc atttgctaca 300  
gtaagaaaact ttctttcttg aattcttggt tctcttgg

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1191 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

30

ctagcaagca ggtaaacgag ctttgtacaa acacacacag accaacadat ccggggatgg 60  
ctgtgtgttg ctagagcaga ggctgattaa acactcagtg tggtggctct ctgtgccact 120  
cctggaaaat aatgaattgg gtaaggaaca gtaataaga aaatgtgcct tgctaactgt 180  
gcacattaca acaaagagct ggcagctcct gaaggaaaag ggcttgtgcc gctgccgttc 240  
35 aaacttgtca gtcaactcat gccagcagcc tcagcgtctg cctccccagc acaccctcat 300

```

tacatgtgtc tgtctggcct gatctgtgca tctgctcgga gacgctcctg acaagtcggg 360
aatttctcta tttctccact ggtgcaaaga gcggatttct ccttgcttct cttctgtcac 420
ccccgctcct ctccccccagg aggctccttg atttatggta gctttggact tgcttccccg 480
tctgactgtc cttgacttct agaatggaag aagctgagct ggtgaaggga agactccagg 540
5  ccattcacaga taaaagaaaa atacaggaag aaatctcaca gaagcgtctg aaaatagagg 600
aagacaaact aaagcaccag catttgaaga aaaaggcctt gagggagaaa tggcttctag 660
atggaatcag cagcggaaaa gaacaggaag agatgaagaa gcaaaatcaa caagaccagc 720
accagatcca ggttctagaa caaagtatcc tcaggcttga gaaagagatc caagatcttg 780
aaaaagctga actgcaaata tcaacgaagg aagaggccat tttaaagaaa ctaaagtcaa 840
10 ttgagcggac aacagaagac attataagat ctgtgaaagt ggaaagagaa gaaagagcag 900
aagagtcaat tgaggacatc tatgctaata tccctgacct tccaaagtcc tacatacctt 960
ctagggttaag gaaggagata aatgaagaaa aagaagatga tgaacaaaaat aggaaagctt 1020
tatatgccat ggaaattaaa gttgaaaaag acttgaagac tggagaaagt acagttctgt 1080
cttccaatac ctctggccat cagatgactt taaaaggtag aggagtaaaa gtttaagatg 1140
15 atgggcaaaa gtccagtgtg ttcagtaaag tgctaatacac aagttggagg t

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

### 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1200 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

```

5  aacagggact ctcactctat caaccccagg ctggagtcctg gtgcgcccac cctggctccc 60
   tgcaacctcc gcctcccagg ctcaagcaac tctcctgcct cagtcgctct agtagctggg 120
   actacaggca cacaccacca tgcccagcca atttttgcat tttttgtaga gacagggttt 180
   cgcttctgt ccaggccggc atcatatact ttaaatacatg cccagatgac ttaataacct 240
   aatacaatat atcaggttg tttaaaaata attgcttttt tattattttt gcattttttgc 300
10 accaacctta atgctatgta aatagttggt atactgttg ttaacaacag tatgacaatt 360
   ttggcttttt ctttgtatta ttttgtattt ttttttttta ttgtgtggtc tttttttttt 420
   ttctcagtgt tttcaattcc tccttggttg aatccatgga tgcaaaaccc acagatatga 480
   agggctggct atatatgcat tgatgattgt cctattatat tagttataaa gtgtcattta 540
   atatgtagtg aaagtatatg tacagtggaa agagttagtg aaaacataaa catttggacc 600
15 tttcaagaaa ggtagcttg tgaagtttt caccttcaaa ctatgtccca gtcagggctc 660
   tgctactaat tagctataat ctttgcacaa attacatcac ctttgagtct cagttgcctc 720
   acctgtaaaa tgaaagaact ggatactctc taaggctact tccagccctg tcattctata 780
   actctgttat gctgaggaag aaattcacat tgtgttaact gtatgagtca aactgaaaat 840
   gattattaaa gtgggaaaaa gccaatgct tctcttagaa agctcaacta aatttgagaa 900
20 gaataatctt ttcaattttt taagaattta aatattttta agggtttgac ctattttattt 960
   agagatgggg tctcactctg tcacccagac tggagtacag tggcacaatc atagctcact 1020
   gctgcctcaa attcatgggc tcaagtgatc ctccctgcctc tgccctccaga gtagctgcga 1080
   ctatgggcat gtgccaccac gcctggctaa catttgtatt gacctattta tttattgtga 1140
   tttatatctt tttttttttt tctttttttt tttttttaca aatcagaaat acttattttg 1200
25

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 989 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

## 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

10

```

aagccaccac tcaaaacttc ctatacatTTt tcacagcaga gacaagtgaa cattttatTTt 60
tatgcctttc ttcctatgtg tattttcaagt ctttttcaaa acaaggcccc aggactctcc 120
gattcaatta gtccttgggc tggtcgactg tgcaggagtc cagggagcct ctacaaatgc 180
15 agagtgactc tttaccaaca taaaccctag atacatgcaa aaagcaggac ccttcctcca 240
ggaatgtgcc atttcagatg cacagcacc c atgcagaaaa gctggaattt tccttggaac 300
cgactgtgat agaggtgctt acatgaacat tgctactgtc tttctttttt tttgagacag 360
gtttcgcttg tgcccaggct gagtgcaatg cgtgatctca ctactgcaa ttccacctcc 420
aggttcaagc attctcctgc tcagcctcct agtagctggg ttacaggcac tgccaccatg 480
20 ccggctaatt ttgtatTTt gtagagatgg atttctccat ttggtcaggc ggtctcgaac 540
cccaacctca gtgatctgcc acctcagcct cctaagtgtt ggattacagg atgagccacc 600
cgaccggcca ctactgtctt tctttgacct ttccagtttc gaagataaag aggaaataat 660
ttctctgaag tacttgataa aattttcaaa caaaacacat gtccacttca ctgataaaaa 720
at ttaccgca gtttggcacc taagagtatg acaacagcaa taaaaagtaa tttcaaagag 780
25 ttaagatttc ttcagcaaaa tagatgattc acatcttcaa gtcctttttg aaatcagtta 840
ttaatattat tctttcctca tttccatctg aatgactgca gcaatagttt tttttttttt 900
tttttttttt ttgcgagatg gaatctcgct ctgtcgccca gcgggagtg c actggcgcaa 960
gcccggtca ccgcaatctc tgccaccgc

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 250 Basenpaare

35 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

 MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 40 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

15

catttcccca ttggtcctga tgttgaagat ttagtttaaag aggctgtaag tcaggttcga 60  
 gcagaggcta ctacaagaag tagggaatca agtccctcac atgggctatt aaaactaggt 120  
 agtggtggag tagtgaaaaa gaaatctgag caacttcata acgtaactgc ctttcaggga 180  
 20 aaagggcatt ctttaggaac tgcattctggt aacccacacc ttgatccaag agctagggaa 240  
 acttcagttg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2270 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

```

15  gcgcccccgga gcagcgccccg cgccctccgc gccttctccg ccgggacctc gagcgaaaga 60
    ggcccgcgcg cgcgccagcc ctgcctccc tgcccaccgg gcacaccgcg ccgccacccc 120
    gaccccgctg cgcacggcct gtccgctgca caccagcttg ttggcgctct cgtcgccgcg 180
    ctgccccggg gctactcctg cgcgccacaa tgagctcccg catcgccagg gcgctcgctt 240
    tagtcgtcac ccttctccac ttgaccaggc tggcgctctc cactgcccc gctgcctgcc 300
20  actgccccct ggaggcgccc aagtgcgcgc cgggagtcgg gctggtcggg gacggctgcg 360
    gctgctgtaa ggtctgcgcc aagcagctca acgaggactg cagcaaaacg cagccctgcg 420
    accacaccaa ggggctggaa tgcaacttcg gcgccaagtc caccgctctg aaggggatct 480
    gcagagctca gtcagagggc agaccctgtg aatataactc cagaatctac caaaacgggg 540
    aaagtttcca gcccaactgt aaacatcagt gcacatgtat tgatggcgcc gtgggctgca 600
25  ttcctctgtg tccccaagaa ctatctctcc ccaacttggg ctgtcccaac cctcggtgg 660
    tcaaagttag cgggcagtg cgcgaggagt gggctctgtg cgaggatagt atcaaggacc 720
    ccatggagga ccaggacggc ctcccttgga aggagctggg attcgatgcc tccgaggtgg 780
    agttgacgag aaacaatgaa ttgattgcag ttggaaaagg cagctcactg aagcggtccc 840
    ctgttttttg aatggagcct cgcctcctat acaacccttt acaaggccag aaatgtattg 900
30  ttcaaacaac ttcattggtc cagtgtctca agacctgtgg aactggatat tccacacgag 960
    ttaccaatga caaccctgag tgccgccttg tgaaagaaac ccggatttgt gaggtgcggc 1020
    cttgtggaca gccagtgtac agcagcctga aaaagggcaa gaaatgcagc aagaccaaga 1080
    aatcccccgga accagtcagg ttactttacg ctggatgttt gagtgtgaag aaataccggc 1140
    ccaagtactg cggttcctgc gtggacggcc gatgctgcac gcccagctg accaggactg 1200
35  tgaagatgcg gttccgctgc gaagatgggg agacattttc caagaacgtc atgatgatcc 1260
    agtcctgcaa atgcaactac aactgcccgc atgccaatga agcagcgttt cccttctaca 1320
    ggctgttcaa tgacattcac aaatttaggg actaaatgct acctgggttt ccagggcaca 1380
    cctagacaaa caagggagaa gagtgtcaga atcagaatca tggagaaaat gggcggggg 1440
    ggtgtgggtg atgggactca ttgtagaaag gaagccttgc tcattcttga ggagcattaa 1500
40  ggtattttcg aactgccaag ggtgctgggt cggatggaca ctaatgcagc cactgttga 1560
    gaatactttg cttcatagta ttggagcaca tgttactgct tcatttttga gcttgtggag 1620
    ttgatgactt tctgttttct gtttgtaaat tatttgctaa gcatattttc tctaggcttt 1680
    tttccttttg gggttctaca gtcgtaaaag agataataag attagtgtga cagttaaag 1740
    cttttattcg tcctttgaca aaagttaaag ggagggcatt ccatcccttc ctgaaggggg 1800
45  acactccatg agtgtctgtg agaggcagct atctgcactc taaactgcaa acagaaatca 1860
    ggtgttttaa gactgaatgt tttatttata aaaatgtagc ttttggggag ggaggggaaa 1920
    tgtaatactg gaataatttg taaatgattt taattttata ttcagtgaag agattttatt 1980

```

```

tattggaatta accattttaat aaagaaatat ttaccttaata tctgagtgtg tgccatttcgg 2040
tatTTTTtaga ggtgctccaa agtcattagg aacaacctag ctcacgtact caattattca 2100
aacaggactt attgggatac agcagtgaat taagctatta aaataagata atgattgctt 2160
5 ttataccttc agtagagaaa agtcttttgc tataaagtaa tgTTTTaaaa acatgtattg 2220
aacacgacat tgtatgaagc acaataaaga ttctgaagct aaaaaaaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1636 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

```

35 cttgaatgaa gctgacacca agaaccgcgg gaagagcttg ggcccaaagc aggaaaggga 60
agcgctcgag ttggaaagga accgctgctg ctggccgaac tcaagcccg ggcgccccac 120
cagtttgatt ggaagtccag ctgtgaaacc tggagcgctg ccttctcccc agatggctcc 180

```

```

tggtttgctt ggtctcaagg acactgcac gtcaaaactga tccccctggcc gttggaggag 240
cagttcatcc ctaaagggtt tgaagccaaa agccgaagta gcaaaaatga gacgaaaggg 300
cggggcagcc caaaagagaa gacgctggac tgtggtcaga ttgtctgggg gctggccttc 360
agcccgtagc cttccccacc cagcaggaag ctctgggcac gccaccaccc ccaagtgcc 420
5 gatgtctctt gcctgggtct tgctacggga ctcaacgatg ggcagatcaa gatctgggag 480
gtgcagacag ggctcctgct tttgaatctt tccggccacc aagatgtcgt gagagatctg 540
agcttcacac ccagtggcag tttgattttg gtctccgctg cacgggataa gactcttcgc 600
atctgggacc tgaataaaca cggtaaacag attcaagtgt tatcgggcca cctgcagtgg 660
gtttactgct gttccatctc ccagactgc agcatgctgt gctctgcagc tggagagaag 720
10 tcggtctttc tatggagcat gaggtcctac acgttaattc ggaagctaga gggccatcaa 780
agcagtgttg tctcttgtga cttctcccc gactctgccc tgcttgtcac ggcttcttac 840
gataccaatg tgattatgtg ggacccctac accggcgaaa ggctgaggtc actccaccac 900
acccagggtg accccgccat ggatgacagt gacgtccaca ttagctcact gagatctgtg 960
tgcttctctc cagaaggctt gtaccttgcc acggtggcag atgacagact cctcaggatc 1020
15 tgggccctgg aactgaaaac tcccattgca tttgtccta tgaccaatgg gctttgctgc 1080
acattttttc cacatggtgg agtcattgcc acagggacaa gagatggcca cgtccagttc 1140
tgacagctc ctagggctct gtccctactg aagcacttat gccggaaagc cttcgaagt 1200
ttcctaacia cttaccaagt cctagcactg ccaatcccca agaaaatgaa agagtccctc 1260
acatacagga cttttttaagc aacaccacat cttgtgcttc tttgtagcag ggtaaatcgt 1320
cctgtcaaag ggagttgctg gaataatggg ccaaacatct ggtcttgcat tgaaatagca 1380
tttctttggg attgtgaata gaatgtagca aaaccagatt ccagtgtaca taaaagaatt 1440
tttttgtctt taaatagata caaatgtcta tcaactttaa tcaagttgta acttataattg 1500
aagacaattt gatacataat aaaaaattat gacaatgtcc tgggaaaaaa aaaatgtaga 1560
aagatggtga agggtgggat ggatgaggag cgtggtgacg ggggcctgca gcgggttggg 1620
25 gaccctgtgc tgcgct

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

### 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 460 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

```

10  ccatgtgtgt atgagagaga gagagattgg gagggagagg gagctcacta gcgcatatgt 60
    gcctccaggg ggctgcagat gtgtctgagg gtgagcctgg tgaaagagaa gacaaaagaa 120
    tggaatgagc taaagcagcc gcctgggggtg ggaggccgag cccatttgta tgcagcaggg 180
    ggcaggagcc cagcaaggga gcctccattc ccaggactct ggagggagct gagaccatcc 240
    atgcccgcag agccctccct cacactccat cctgtccagc cctaattgtg caggtgggga 300
15  aactgaggct gggaagtcac atagcaagtg actggcagag ctgggactgg aaccaacca 360
    gcctcctaga ccacggttct tcccatcaat ggaatgctag agactccagc caggtgggta 420
    ccgagctcga attcgtaatc atggtcatag ctgtttcctg

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1049 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

10	atctgatcaa	gaataacctgc	cctggctcact	ctgcggatgt	ttctgtccac	ttgttcacat	60
	tgaggaccaa	gatatccttt	tttacagagg	cacttggttcg	gtctaacaca	gacacctcca	120
	tgacgacatg	ctggctcaca	ttttgcagtt	ctgcagaagt	ccccctccca	gcctggacta	180
	cagcagcact	ttcccgtggg	ggtgcagtag	ccgtttcgac	agagcctgga	gcactctgaa	240
	gtcagtgtct	gtgcagggtt	taccgtggct	ctgcattcct	caggcattaa	aggtcttttg	300
15	ggatctacaa	ttttgtagag	ttttccattg	tgagtctggg	tcatactttt	actgcttgat	360
	aaaatgtaaa	cttcacctag	ttcatcttct	ccaaatccca	agatgtgacc	ggaaaagtag	420
	cctctacagg	accacctagt	gccgacacag	agtggttttt	cttgccactg	ctttgtcaca	480
	ggacttttgct	ggagagttag	gaaattccca	ttacgatctc	caaacacgta	gcttccatac	540
	aatcttttctg	actggcagcc	ccggtataca	aatccaccaa	ccaaaggacc	attactgaat	600
20	ggcttgaatt	ctaaaagtga	tggctcactt	tcataatctt	tcccctttat	tatctgtaga	660
	attctggctg	atgatctgtt	ttttccattg	gagtctgaac	acagtatcgt	taaattgatg	720
	tttatatcag	tgggatgtct	atccacagca	catctgcctg	gatcgtggag	cccatgagca	780
	aacacttcgg	ggggctggtt	ggtgctgttg	aagtgtgggt	tgctccttgg	tatggaataa	840
	ggcacgttgc	acatgtctgt	gtccacatcc	agccgtagca	ctgagcctgt	gaaatcactt	900
25	aacccatcca	tttcttccat	atcatccagt	gtaatcatcc	catcaccaag	aatgatgtac	960
	aaaaaccctg	cagggccaaa	gagcagttgc	cctcccagat	gctttctgtg	gagttctgca	1020
	acttcaagaa	agactctggc	tgttctcaa				

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 747 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

15

```

tttttcaa at  cacatatggc  ttctttgacc  ccatcaaata  actttattca  cacaaacgtc  60
ccttaattta  caaagcctca  gtcattcata  cacattaggg  gatccacagt  gttcaaggaa  120
cttaaatata  atgtatcata  ccaacccaag  taaaccaagt  acaaaaaata  ttcataataa  180
gttggttcaca  cgtaggtcct  agattaccag  cttctgtgca  aaaaaaggaa  atgaagaaaa  240
20 atagatttat  taactagtat  tggaaactaa  ctttgtgcct  ggcttaaaac  ctccctcacg  300
ctcgtctgtc  ccacacaaat  gtttaagaag  tcaactgcaat  gtactccccg  gctctgatga  360
aaagaagccc  ctggcacaaa  agattccagt  gccctgaag  aggctccctt  cctcctgtgg  420
gctctcctag  aaaaccagcg  ggacggcctc  cctgctgata  ccgtctataa  ccttaggggg  480
ccctcgggca  ggcaacggca  gtggactcat  ctcggtgatg  gctgtagatg  ctaacactgg  540
25 ccaattcaat  gccacaccta  ctggttaccc  tttgagggca  tttctccaga  cagaagcccc  600
ttgaagccta  ggtagggcag  gatcagagat  acaccctgtg  ttgtctcgaa  gggctccaca  660
gccagtagcg  acatgcttgc  agaagtagta  tctctggact  tctgcctcca  gtcgaccggc  720
cgcgaaattha  gtagtaatat  cgccgc

```

30

## Pat ntsprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend

5

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 1 bis Seq. ID No. 59

- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

10

oder

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

15

2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.

20

3. Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Endothelzellgewebe erhöht exprimiert sind.

25

4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 59, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

30

5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 5 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 10 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 15 8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 3000 bp aufweist.
- 20 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2800 bp aufweist.
- 25 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2600 bp aufweist.
- 30 11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 5 13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 12, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 10 14. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 15 15. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 11 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 20 16. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 15 erhältlich ist.
- 25 17. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 11.
- 30 18. Wirtszelle gemäß Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

19. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 5 20. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 17 bis 19 kultiviert werden.
- 10 21. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 kodiert wird, das gemäß Anspruch 20 erhältlich ist.
- 15 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 21, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 20 23. Polypeptidsequenz, exprimiert von einer der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59.
24. Polypeptidsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25 25. Polypeptidsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 30 26. Polypeptidsequenz, dadurch gekennzeichnet, daß sie die Sequenz Seq ID No. 34 umfasst.

27. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 26 als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen.
- 5 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen verwendet werden können.
- 10 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 in sense oder antisense Form.
- 15 30. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 26 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung angiogenetischer Erkrankungen.
- 20 31. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 26 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung angiogenetischer Erkrankungen.
- 25 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptidsequenz gemäß den Ansprüchen 23 bis 26.
- 30 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.



34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

5 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59.

10 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 35, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

15 38. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 11 und der Peptide gemäß den Ansprüchen 23 bis 26, entweder alleine oder in Formulierung als Arzneimittel zur Behandlung von Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie, Neovaskulares Glaukom, Nierenerkrankungen, wie  
20 Glomerulonephritis, diabetische Nephropatie, maligne Nephrosklerose, thrombische mikroangiopatische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen, Artherosklerose und Verletzungen des Nervengewebes.

25

## **Zusammenfassung**

Es werden Nukleinsäure-Sequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Gewebe menschlicher Endothelzellen, die für Genprodukte oder Teile davon  
5 kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.